



日本国特許庁
JAPAN PATENT OFFICE

101042,211
filed 11-02
Bsk
(703) AUG 27 2002
RECEIVED
TECH CENTER 1600/2900

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されて
いる事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed
with this Office

出願年月日

Date of Application:

2000年12月28日

出願番号

Application Number:

特願2000-402288

[ST.10/C]:

[JP2000-402288]

出願人

Applicant(s):

旭化成株式会社

BEST AVAILABLE COPY

2002年 5月 7日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

及川耕造



出証番号 出証特2002-3032933

【書類名】 特許願

【整理番号】 X12-1408

【提出日】 平成12年12月28日

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 C12N 15/00
C12N 15/10

【発明の名称】 新規遺伝子

【請求項の数】 26

【発明者】

 【住所又は居所】 静岡県富士市鯨島2番地の1 旭化成工業株式会社内

 【氏名】 松田 昭生

【発明者】

 【住所又は居所】 静岡県富士市鯨島2番地の1 旭化成工業株式会社内

 【氏名】 本田 剛一

【発明者】

 【住所又は居所】 静岡県富士市鯨島2番地の1 旭化成工業株式会社内

 【氏名】 村松 周治

【特許出願人】

 【識別番号】 000000033

 【氏名又は名称】 旭化成工業株式会社

【代理人】

 【識別番号】 100091096

 【弁理士】

 【氏名又は名称】 平木 祐輔

【選任した代理人】

 【識別番号】 100096183

 【弁理士】

 【氏名又は名称】 石井 貞次

【選任した代理人】

【識別番号】 100077425

【弁理士】

【氏名又は名称】 大屋 憲一

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 0007328

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 新規遺伝子

【特許請求の範囲】

【請求項1】 以下の(a)または(b)のタンパク質。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化作用を有するタンパク質。

【請求項2】 請求項1記載のタンパク質と50%以上のアミノ酸配列の相同性を有するタンパク質であり、かつNF- κ Bを活性化作用を有するタンパク質。

【請求項3】 以下の(a)または(b)のタンパク質をコードする塩基配列を包含する遺伝子。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89において1若

しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【請求項4】 以下の(a)または(b)のDNAを包含する遺伝子。

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88または90で表される塩基配列からなるDNA。

(b) (a)のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするDNA。

【請求項5】 請求項3または4記載の遺伝子と50%以上の塩基配列の相同性を有する遺伝子であり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする塩基配列を包含する遺伝子。

【請求項6】 請求項3～5のいずれか1つに記載の遺伝子によりコードされるタンパク質。

【請求項7】 請求項3～5のいずれか1つに記載の遺伝子を含有する組換えベクター。

【請求項8】 請求項7に記載の組換えベクターを含む形質転換体。

【請求項9】 請求項8記載の形質転換体から上記DNAによりコードされているポリペプチドを発現させることを含むポリペプチドの製造方法

【請求項10】 個体におけるNF- κ Bの発現または活性に関連した疾病の診断方法であって、以下の工程を含む診断方法。

(a) 被験者におけるゲノム中のNF- κ Bタンパク質をコードする塩基配列の変異の有無を測定することおよび／または

(b) 被験者における請求項6のタンパク質発現量を測定すること。

【請求項11】 以下の工程を含むNF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物のスクリーニング方法。

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能シグナルを提供しうる成分により宿主細胞を形質転換する工程、

(b) 該遺伝子が宿主細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、及び

(d) 検出可能シグナルを測定する工程。

【請求項 1 2】 以下の工程を含むNF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質の製造方法。

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供しうる成分により宿主細胞を形質転換する工程、

(b) 該遺伝子が宿主細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、及び

(e) 阻害あるいは活性化のシグナルが検出された候補化合物を単離・同定する工程

【請求項 1 3】 請求項 1 2 記載の製造方法で得られるNF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物。

【請求項 1 4】 NF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングするためのキットであって、

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供しうる成分により形質転換された宿主細胞

(b) 該遺伝子を宿主細胞内で発現可能にする培地を含むキット。

【請求項 1 5】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質に対するモノクローナルあるいはポリクローナル抗体。

【請求項 1 6】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質を抗原として用いる、請求項 1 5 記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法。

【請求項 1 7】 請求項 3 ～ 5 の遺伝子に対するアンチセンスオリゴヌクレ

オチド。

【請求項18】 NF- κ Bの活性化を阻害するリボザイム。

【請求項19】 請求項13記載の化合物および／または請求項15記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体および／または請求項17記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドおよび／または請求項18記載のリボザイムを用いた治療方法。

【請求項20】 請求項13記載の化合物を有効成分として含有する医薬。

【請求項21】 請求項15記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体を有効成分として含有する医薬。

【請求項22】 請求項17記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬。

【請求項23】 対象疾患が炎症、自己免疫疾患、感染症、癌疾患である請求項20記載の医薬。

【請求項24】 機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、オリゴキャッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製する方法および該機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子を用いる方法からなる取得方法。

【請求項25】 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88および90で表される塩基配列のうち少なくとも1以上からなるポリヌクレオチドを含むデータセットおよび／または配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87および89で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体。

【請求項26】 請求項25に記載の媒体上のデータと他の塩基配列および／または他のアミノ酸配列のデータを比較して相同性の算出を行う方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質、該タンパク質をコードするDNA、該DNAの取得方法、該DNAを含有する組換えベクター、該組換えベクターを含有する形質転換体ならびに該蛋白質と特異的に反応する抗体に関する。また、本発明は、NF- κ Bの過剰な活性化または阻害が関与する疾患の診断、治療または予防を行う際の本発明のタンパク質、DNAまたは抗体の使用に関する。

また本発明は、該タンパク質、DNA、組換えベクターおよび形質転換体を用いて、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質をスクリーニングする方法に関する。

【0002】

【従来の技術】

転写因子NF- κ B (Nuclear factor kappa B) は、炎症や免疫反応に関与する種々の遺伝子の転写調節において重要な役割を果たしている。NF- κ Bは、Relファミリーに属するホモあるいはヘテロ二量体からなり、無刺激の状態では、制御タンパク質であるI κ B (Inhibitory protein of NF- κ B) と複合体を形成することによりその核移行シグナルが覆い隠され、細胞質内で不活性型として存在する。

【0003】

細胞にインターロイキン (IL) -1、腫瘍壊死因子 (TNF) - α などのサイトカインの刺激が与えられると、I κ BはIKK (I κ B kinase) によってリン酸化され、ユビキチン化を経て26Sプロテアソームにより分解される。これにより遊離されたNF- κ Bは核内に移行し、NF- κ B結合配列と呼ばれているDNA配列に結合し、その制御下の遺伝子の転写を誘導する。NF- κ Bによって発現調節を受けているとされている遺伝子は免疫グロブリン遺伝子の他、IL-1、TNF- α などの炎症性サイトカイン、インターフェロン、細胞接着因子等が知られており、NF- κ Bはこれらの遺伝子の発現誘導を介して

、炎症や免疫応答に関わっている。

【0004】

NF- κ Bの機能あるいは活性化を阻害することによって、炎症・免疫疾患やその他の疾病、例えば腫瘍増殖、に関与している多くの因子（タンパク質）の発現を抑制できる可能性があり、自己免疫や炎症を原因・症状とする疾病に対する医薬の有望な標的である〔例えば、*Clinical Chemistry* 45, 7-17 (1999)、*J. Clin. Pharmacol.* 38, 981-993 (1998)、*Gut* 43, 856-860 (1998)、*The New England Journal of Medicine* 366, 1066-1071 (1997)、*TIPS* 46-50 (1997)、*The FASEB Journal* 9, 899-909 (1995)、*Nature* 395, 225-226 (1998)、*Science* 278, 818-819 (1997)、*Cell* 91, 299-302 (1997)〕。

【0005】

細胞外からの情報は、何らかのシグナルの形に変えて、細胞膜を通過し細胞質をこえて核に到達し、標的遺伝子の発現を調節して細胞の応答が引き起こされる。そのため、細胞外の刺激からNF- κ Bの活性化に至る細胞内におけるシグナル伝達の仕組みを解明することは、自己免疫疾患や炎症症状を呈する疾患に対する新たな医薬の開発あるいは治療法の開発に非常に重要な手段を提供することとなり、極めて重要な意義を有している。

【0006】

しかしながら、細胞が一定の刺激を受けてからNF- κ Bの活性化に至るまでのシグナル伝達経路にはプロテインキナーゼなどの各種伝達分子が関わる多くのステップの存在が考えられ、従って、より効率的な創薬研究のためには、主要な役割を果たす伝達分子を明らかにした上でそれらに焦点を絞った新しい薬物スクリーニング方法確立することが望まれる。しかし、NF- κ Bの活性化のメカニズムは上記IKK、ユビキチン化酵素、26Sプロテアソームの他、TNF receptor associated factor 2 (TRAF2) やNF- κ B inducing kinase (NIK) などの幾つかのシグ

ナル伝達分子が同定され、少しずつ解明されつつあるものの、いまだ不明な点が多く、新たなシグナル伝達分子の同定とより進んだNF- κ B活性化メカニズムの解明が望まれていた。

【 0 0 0 7 】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の課題は、上記のように有用なNF- κ Bを活性化する作用を有する新規な遺伝子、タンパク質を見出し、これを医薬、診断薬、医療の分野で利用する方法を提供することにある。即ち、NF- κ Bを活性化する作用を有する新規タンパク質、該タンパク質をコードするDNA、該DNAを含有する組換えベクター、該組換えベクターを含有する形質転換体、該タンパク質の製造方法、該タンパク質またはその部分ペプチドに対する抗体、該抗体の製造方法を提供する。

【 0 0 0 8 】

また、本発明は、該タンパク質、DNA、組換えベクターおよび形質転換体を用いて、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質をスクリーニングする方法、該スクリーニング用キット、該スクリーニング方法もしくはスクリーニング用キットを用いて得られるNF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質、該物質の製造方法、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質を含有している医薬などを提供する。

【 0 0 0 9 】

【課題を解決するための手段】

近年、生体内で発現している遺伝子を解析する手段として、cDNAの配列をランダムに解析する研究が活発に行われており、このようにして得られたcDNAの断片配列がEST (Expressed Sequence Tag、例えば<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST>) として、データベースに登録され公開されている。しかし、ESTは配列情報のみであり、その機能を推定することは困難である。また、ESTはUniGene (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene>) により整備され、これまでに約8万種のヒト遺伝子が登録されている。しかし、その多くは5'端塩基配列を欠損しており、タンパク質翻訳開始部位を含まない。そのため、mRNAのコード領域の決定を前提とするタンパク質の機能解析、プロモーターの解

析による遺伝子発現制御の理解といった遺伝子機能の解析に直結しているとは言いがたい。

【 0 0 1 0 】

一方、遺伝子の産物、すなわちタンパク質の機能を解明する方法の一つに、動物細胞を用いた一過性発現クローニング法がある（例えば、実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック）。この方法は、動物細胞発現ベクターを用いて作製した cDNA ライブラリーを、動物細胞にトランスフェクションすることで機能的なタンパク質を直接発現させ、このタンパク質が細胞に及ぼす生物活性を指標として cDNA を同定、クローニングする方法である。この方法では、目的とするタンパク質産物に関する化学的情報（アミノ酸配列や分子量）をあらかじめ必要とせず、細胞内や培養液中に発現しているタンパク質の特異的生物活性を検出して cDNA クローンの同定を行うことができる。

【 0 0 1 1 】

この発現クローニングを効率良く行なうためには、cDNA ライブラリーの作製方法を工夫する必要がある。なぜなら、従来より汎用されている cDNA ライブラリー作製方法には幾つかの方法があるが（例えば G u b b l e r - H o f f m a n の方法：Gene 25（1983）オカヤマーバーグの方法：Mol. Cell. Biol. 2（1982））、これらの方法によって作製された cDNA は、そのほとんどが 5' 末端塩基配列を欠損したものであり、完全長（mRNA の全塩基配列を含む）であることは稀であるからである。その理由は、mRNA から cDNA を作るのに使用する逆転写酵素が、完全長の cDNA を作る効率が必ずしも高くないからである。

【 0 0 1 2 】

さらに、遺伝子の機能解析を試みるに際しては、完全長 cDNA をクローニングし、そこからタンパク質を発現させることが必須の要件である。従って、全体のクローンの中で、完全長のものの割合が高いライブラリーを作製することが、発現クローニングを効率良く行なうために必要であった。

【 0 0 1 3 】

本発明者らは、上記課題を解決するために鋭意研究を重ねた結果、オリゴキャ

ッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製し、293EBNA細胞を用いたアッセイ系を完成し、該アッセイ系によりNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする新規DNA（cDNA）を単離することに成功した。この新規DNAは、293EBNA細胞内で発現させることによりNF- κ Bの活性化を誘発した。この結果は、この新規DNAがNF- κ Bの活性化に関与するシグナル伝達分子であることを示しており、本発明を完成するに至った。

【0014】

すなわち、本発明は

(1) 以下の(a)または(b)のタンパク質。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

【0015】

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【0016】

(2) 上記(1)記載のタンパク質と50%以上のアミノ酸配列の相同性を有するタンパク質であり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

(3) 以下の(a)または(b)のタンパク質をコードする塩基配列からなる遺伝子および該塩基配列を包含する遺伝子。

【0017】

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

3、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

【0018】

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【0019】

(4) 以下の(a)または(b)のDNAからなる遺伝子および該DNAを包含する遺伝子。

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88または90で表される塩基配列からなるDNA。

(b) (a)のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするDNA。

【0020】

(5) 上記(3)あるいは上記(4)に記載の遺伝子と50%以上の塩基配列の相同性を有する遺伝子であり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子。

(6) 上記(3)～(5)のいずれか1つに記載の遺伝子によりコードされるタンパク質。

【0021】

(7) 上記(3)～(5)のいずれか1つに記載の遺伝子を含有する組換えベ

クター。

(8) 上記(7)に記載の組換えベクターを含む形質転換体。

(9) 上記(8)に記載の形質転換体から上記DNAによりコードされているポリペプチドを発現させることを含むポリペプチドの製造方法。

である。

【0022】

さらに、本発明は、NF- κ Bの活性化あるいは阻害に関連づけられる疾患の診断方法、すなわち、

(10) 個体におけるNF- κ Bの発現または活性に関連した疾病の診断方法であって、以下の工程を含む診断方法。

(a) 被験者におけるゲノム中のNF- κ Bタンパク質をコードする塩基配列の変異の有無を測定することおよび／または

(b) 被験者における上記(6)のタンパク質発現量を測定すること。

【0023】

さらに本発明はNF- κ Bの活性を調節する因子のスクリーニング、製造に関するものである。すなわち、

(11) 以下の工程を含むNF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物のスクリーニング方法。

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供しうる成分により宿主細胞を形質転換する工程、

(b) 該遺伝子が宿主細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と1あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、及び

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程。

【0024】

(12) 以下の工程を含むNF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質の製造方法。

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子およ

び検出可能なシグナルを提供しうる成分により宿主細胞を形質転換する工程、

(b) 該遺伝子が宿主細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、及び

(e) 阻害あるいは活性化のシグナルが検出された候補化合物を単離・同定する工程。

【 0 0 2 5 】

(13) 上記(12)の製造方法で得られるNF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物。

(14) NF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングするためのキットであって、

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供する成分により形質転換された宿主細胞、

(b) 該遺伝子を宿主細胞内で発現可能にする培地を含むキット。

【 0 0 2 6 】

さらに本発明は、

(15) 上記(1)または(2)に記載のタンパク質に対するモノクローナルあるいはポリクローナル抗体。

(16) 上記(1)または(2)に記載のタンパク質を抗原として用いる、上記(15)に記載のモノクローナルあるいはポリクローナル抗体の製造方法。

(17) 上記(3)～(5)の遺伝子に対するアンチセンスオリゴヌクレオチド。

【 0 0 2 7 】

(18) NF- κ Bの活性化を阻害するリボザイム。

に関するものであり、さらにこれらを用いた治療方法および医薬、すなわち

(19) 上記(13)に記載の化合物および／または上記(15)に記載のモノク

ローナル抗体またはポリクローナル抗体および／または上記（１７）記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドおよび／または上記（１８）記載のリボザイムを用いた治療方法。

【0028】

- （２０） 上記（１３）に記載の化合物を有効成分として含有する医薬。
- （２１） 上記（１５）に記載の抗体を有効成分として含有する医薬。
- （２２） 上記（１７）に記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬。
- （２３） 対象疾患が炎症、自己免疫疾患、感染症、癌疾患である上記（２０）記載の医薬。

である。

【0029】

また本発明は、

- （２４） 機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、オリゴキャッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製する方法および該機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子を用いる方法からなる取得方法。

- （２５） 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88および90で表される塩基配列のうち少なくとも1以上からなるポリヌクレオチドを含むデータセットおよび／または配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87および89で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体。

- （２６） 上記（２５）に記載の媒体上のデータと他の塩基配列のデータおよび／または他のアミノ酸配列を比較して相同性の算出を行う方法、

に関する。

【0030】

まず、本発明の基本的特徴を更に明らかにするために、本発明の完成に至る経緯を追いながら、本発明について説明する。NF- κ Bを活性化する作用を有する新規遺伝子を取得する目的で、実施例に示すように、以下の実験を実行した。まずヒト正常肺線維芽細胞（三光純薬株式会社より購入）より調整したmRNAより、オリゴキャッピング法によって完全長cDNAを作製し、該cDNAをベクターpME18S-FL3（GenBank Accession AB009864）に組み込んだ完全長cDNAライブラリーを作製した。次に、該cDNAライブラリーを大腸菌に導入し、1クローンずつプラスミドを調整した。次に、293-EBNA細胞（インビトロジェン社）に、ルシフェラーゼをコードするDNAを含有するpNF κ B-Lucレポータープラスミド（STRATAGENE社）と上記の完全長cDNAプラスミドとを共導入した。そして、24時間あるいは48時間培養後、ルシフェラーゼ活性を測定し、ルシフェラーゼ活性が対照実験と比べて有意に上昇している（対照実験と比べてルシフェラーゼ活性が10倍以上の値を示した）プラスミドを選抜し、該プラスミドにクローニングされているcDNAの全塩基配列を決定した。このようにして得られたcDNAによりコードされるタンパク質は、該タンパク質がNF- κ Bの活性化に関与するシグナル伝達分子であることを示している。

【0031】

次に、以下に本発明について具体的に説明する。

本発明は、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質または、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、8

3、85、87または89において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質である。上記した配列番号1等に記載されたアミノ酸配列からなるタンパク質がNF- κ Bを活性化する作用を有することは、本願明細書実施例に記載の通りである。

【0032】

当業者であれば、公知の方法を用いてこのタンパク質中のアミノ酸の置換などを適宜行い、配列番号1等に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質と同様にNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質を作製することが可能である。一つの方法としては、該タンパク質をコードするDNAに対して、慣用の突然変異誘発法を使用する方法がある。別の方法としては例えば部位特異的変異法（例えば宝酒造株式会社のMutagen-Super Express Km キット）が挙げられる。また、タンパク質のアミノ酸の変異は自然界においても生じうる。このようにアミノ酸の欠失、置換、付加により配列番号1等のタンパク質に対してアミノ酸配列が変異した変異体であって、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質及び該タンパク質をコードするDNAも本発明に含まれる。変異の数は、好ましくは10まで、より好ましくは5まで、最も好ましくは3までが好ましい。

【0033】

アミノ酸置換の例としては、以下のグループ内での置換が挙げられる。（グリシン、アラニン）（バリン、イソロイシン、ロイシン）（アスパラギン酸、グルタミン酸）（アスパラギン、グルタミン）（セリン、トレオニン）（リジン、アルギニン）（フェニルアラニン、チロシン）。

【0034】

当業者であれば、ハイブリダイゼーション技術などを用いて配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタン

パク質をコードするDNA（例えば配列番号2）またはその一部を基に、これと相同性の高いDNAを単離して、該DNAから配列番号1等で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質と同様にNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質を得ることも通常行い得ることである。このように上記した配列番号1等で表されるアミノ酸配列のタンパク質と高い相同性を有するタンパク質であって、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質も本発明のタンパク質に含まれる。高い相同性とは、アミノ酸レベルにおいて、少なくとも50%以上、好ましくは70%以上、より好ましくは80%以上、さらに好ましくは90%以上の相同性を有するアミノ酸配列を示す。

【0035】

本発明のタンパク質としては、ヒトや哺乳動物のあらゆる細胞や組織に由来する天然のタンパク質でもよく、化学合成タンパク質であってもよく、また遺伝子組換え技術によって得られたタンパク質でもよい。タンパク質は糖鎖やリン酸化などの翻訳後修飾は受けていても受けていなくても良い。

【0036】

本発明は、上記で示される本発明のタンパク質をコードする遺伝子である。上記の配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする塩基配列としてより具体的には、例えば配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88または90で表される塩基配列が挙げられる。本発明の遺伝子は、これらの塩基配列の全部または部分配列を実質的に包含するDNAであり、対応するRNAも含む。DNAはcDNAのほか、ゲノムDNA、化学合成DNAも含まれる。遺伝暗号の縮重に従い、遺伝子から生産されるタンパク質のアミノ酸配列を変えることなく配列番号1、3、

5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87または89で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードする塩基配列の少なくとも1つの塩基を他の種類の塩基に置換することができる。従って、本発明のDNAはまた、遺伝暗号の縮重に基づく置換によって変換された塩基配列も含有する。このようなDNAは、公知の方法により合成することができる。

【0037】

本発明のDNAは、配列番号2等で表される塩基配列からなるDNAとストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするDNAも含まれる。ストリンジントな条件とは、当業者には十分理解できることであり、例えば、T. Maniatisらの実験操作書 (Molecular Cloning A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory 1982、1989) に従えば容易に実施できる。

【0038】

すなわち、ストリンジントな条件とは、30%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で37℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで1×SSC、0.1%SDS中、37℃で10分の洗浄を2回行う条件である。より好ましい条件は、40%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で42℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで0.2×SSC、0.1%SDS中、42℃で10分の洗浄を2回行う条件である。最も好ましい条件は、50%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で42℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで0.2×SSC、0.1%SDS中、50℃で10分の洗浄を2回行う条件である。この際、得られたDNAは、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク

質をコードすることが必須である。

【 0 0 3 9 】

本発明は、上記（３）あるいは（４）の遺伝子と相同性が５０％以上の塩基配列の相同性を有する遺伝子であり、かつNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子である。

より好ましくは、７０％以上、さらに好ましくは８０％以上、最も好ましくは９０％以上の塩基配列の相同性が好ましい。

上記の本発明のDNAは、前述のタンパク質を、組換えDNA技術を用いて製造するのに用いることができる。本発明のDNA及びペプチドは、概略以下のようにして得ることができる。

【 0 0 4 0 】

（Ａ）本発明のタンパク質をコードするDNAをクローニングする。

（Ｂ）タンパク質の全コード領域あるいはその一部をコードするDNAを発現用ベクターに組み込んで、組換えベクターを構築する。

（Ｃ）構築した組換えベクターにより、宿主細胞を形質転換する。

（Ｄ）得られた細胞を培養し、該タンパク質、またはその類縁体を発現させ、カラムクロマトグラフィーにより精製する。

【 0 0 4 1 】

上記の工程中でDNA、組換え体宿主としての大腸菌等の取り扱いに必要な一般的な操作は、当業者間で通常行われているものであり、例えば、上記T. Maniatisらの実験操作書に従えば容易に実施できる。使用する酵素、試薬類も全て市販の製品を用いることができ、特に断らない限り、製品で指定されている使用条件に従えば、完全にそれらの目的を達成することができる。以下に上記（Ａ）～（Ｄ）の工程について更に詳しく説明する。

【 0 0 4 2 】

上記（Ａ）における本発明のタンパク質をコードするDNAのクローニングの手段としては、本願明細書実施例に記載した方法の他に、本発明の塩基配列（例えば配列番号２）を有する合成DNAをプライマーとしたPCR法によって増幅する方法、あるいは、適当なベクターに組み込んだDNAを本発明のタンパク質

の一部あるいは全領域をコードするDNA断片もしくは合成DNAを標識したもののハイブリダイゼーションによって選別すること、などが挙げられる。細胞、組織より全RNAまたはmRNA画分を調製したものを用いて直接Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction (RT-PCR法)によって増幅することもできる。適当なベクターに組み込んだDNAとしては、例えば市販されている (CLONTECH社、STRATAGENE社) ライブラリーを使用することができる。ハイブリダイゼーションの方法は、当業者間で通常行われているものであり、例えば、上記T. Maniatisらの実験操作書に従えば容易に実施できる。クローン化された本発明のタンパク質をコードするDNAは目的によりそのまま、または所望により制限酵素で消化したり、リンカーを付加したりして使用することができる。上記のようにして得られるDNAは、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88または90に記載の塩基配列を有する遺伝子であるか、あるいは前述の(3)～(5)の遺伝子であればよい。上記(B)において発現ベクターに組み込むDNAは、上述のタンパク質の全長をコードする全長cDNAでも、DNA断片でも良いし、その一部分を発現する様に構築されたDNA断片でも良い。

【0043】

すなわち、本発明は、上記のDNAを含有する組換えベクターである。本発明のタンパク質の発現ベクターは、例えば、本発明のタンパク質をコードするDNAから目的とするDNA断片を切り出し、該DNA断片を適当な発現ベクター中のプロモーターの下流に連結することにより製造することができる。

【0044】

用いる発現ベクターとしては、複製可能であれば、大腸菌をはじめとする原核生物由来、酵母由来、真菌由来、昆虫ウイルス由来、脊椎動物ウイルス由来いずれのベクターでも良いが、宿主として使用する微生物または細胞に適したものを選択する必要がある。また、発現物に応じて、宿主細胞-発現ベクター系として

は、適切な組み合わせが選択される。

【 0 0 4 5 】

微生物を宿主として使用する場合、これら微生物に適したプラスミドベクターが組み換え体DNAの複製可能な発現ベクターとして一般に用いられる。

例えば、大腸菌を形質転換するためのプラスミドベクターとしては、プラスミド p B R 3 2 2 や p B R 3 2 7 などを用いることができる。プラスミドベクターは通常複製起源、プロモーター、及び組換え体DNAで形質転換した細胞を選別するのに有用な表現型を組換え体DNAに与えるマーカー遺伝子等を含んでいる。プロモーターの例としては、 β -ラクタマーゼ、ラクトースプロモーター、トリプトファンプロモーター等が挙げられる。マーカー遺伝子の例としては、アンピシリン耐性遺伝子やテトラサイクリン遺伝子などが挙げられる。適した発現ベクターの例としては、プラスミド p B R 3 2 2、p B R 3 2 7 の他に、p U C 1 8、p U C 1 9 等が挙げられる。

【 0 0 4 6 】

酵母で本発明のDNAを発現するためには、複製可能なベクターとして例えば Y E p 2 4 を用いることができる。プラスミド Y E p 2 4 は U R A 3 遺伝子を含み、この U R A 3 遺伝子をマーカー遺伝子として利用することができる。酵母細胞用の発現ベクターのプロモーターの例としては、3-ホスホグリセレートキナーゼ、グリセルアルデヒド-3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ、アルコールデヒドロゲナーゼなどの遺伝子のプロモーター等が挙げられる。

【 0 0 4 7 】

真菌で本発明のDNAを発現するための発現ベクターに用いられるプロモーター及びターミナーターの例としては、ホスホグリセレートキナーゼ (P G K)、グリセルアルデヒド-3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ (G A P D)、アクチン等の遺伝子プロモーター及びターミネーターが挙げられる。適した発現ベクターの例としては、プラスミド p P G A C Y 2、p B S F A H Y 8 3 等が挙げられる。

昆虫細胞で本発明のDNAを発現させるための発現ベクターに用いられるプロモーターの例としては、ポリヘドリンプロモーター、P 1 0 プロモーターなどが

挙げられる。

【 0 0 4 8 】

動物細胞で本発明のDNAを発現させるための組換えベクターは、一般に遺伝子を制御するための機能配列、例えば、複製起源、本発明のDNAの上流に位置すべきプロモーター、リボソーム結合部位、ポリアデニル化部位や転写終止配列を含有している。本発明のDNAを真核細胞内で発現させるのに用いることができるそのような機能配列はウイルスやウイルス性物質から得ることができる。例えば、SR α プロモーター、SV40プロモーター、LTRプロモーター、CMV（サイトメガロウイルス）プロモーター、HSV-TKプロモーターなどがあげられる。これらのうち、CMVプロモーター、SR α プロモーターなどを用いるのが好ましい。また、本発明のタンパク質をコードする遺伝子上流位置に本来存在するプロモーターも、上述の宿主ベクター系で使用するのに適しているならば使用することができる。複製起源については、外来性の起源、例えばアデノウイルス、ポリオーマ、SV40等のウイルス由来の複製起点を用いることができる。また、発現ベクターとして宿主染色体に組み込まれるような性質を有するベクターを用いる場合、宿主染色体の複製起源を利用することができる。適した発現ベクターの例としては、プラスミドpSV-dhfr（ATCC 37146）、pBPV-1（9-1）（ATCC 37111）、pcDNA3.1（INVITROGEN社）、pME18S-FL3等が挙げられる。

【 0 0 4 9 】

本発明は、上記の組換えベクターを含む形質転換体である。本発明の複製可能な組換えベクターで形質転換された微生物または細胞は、前述の通り、組換えベクターに与えられた少なくとも1種の表現型によって形質転換されずに残った親細胞から選別される。表現型は少なくとも1種のマーカー遺伝子を組換えベクターに挿入することによって与えることができる。また複製可能なベクターが本来有しているマーカー遺伝子を利用することもできる。マーカー遺伝子の例としては、例えば、ネオマイシン耐性などの薬剤耐性遺伝子やジヒドロ葉酸レダクターゼをコードする遺伝子などが挙げられる。

【 0 0 5 0 】

上記(C)において用いる宿主としては、大腸菌をはじめとする原核生物、酵母、真菌等の微生物、及び昆虫や動物等の細胞のいずれでも良いが、用いる発現ベクターに適したものを選択する必要がある。微生物の例としては、エシユリヒア コリ (*Escherichia coli*) の菌株、例えば *E. coli* K12株294 (ATCC 31446)、*E. coli* X1776 (ATCC 31537)、*E. coli* C600、*E. coli* JM109、*E. coli* B株、あるいはバチラス サブチリス (*Bacillus subtilis*) の如き *Bacillus* 属の菌株、あるいはサルモネラ チフィムリウム (*Salmonella typhimurium*) またはセラチア マーゼサンス (*Serratia marcesans*) 等の大腸菌以外の腸内菌、あるいはシュードモナス (*Pseudomonas*) 属の種々の菌株が挙げられる。酵母としては、例えば、サッカロミセス セレビスエ (*Saccharomyces cerevisiae*)、シゾサッカロマイセス ポンベ (*Schizosaccharomyces pombe*)、ピキア パストリス (*Pichia pastoris*) などが用いられる。真菌としては、例えば、アスペルギルス ニドランス (*Aspergillus nidulans*)、アクレモニウム クリソゲナム (*Acremonium chrysogenum*) (ATCC 11550) 等が挙げられる。

【0051】

昆虫細胞としては、例えば、ウイルスがAcNPVの場合は、夜盗蛾の幼虫由来株化細胞 (*Spodoptera frugiperda*: Sf細胞)、*Trichoplusia ni* の卵由来のHigh FiveTM細胞、などが用いられる。動物細胞の例としては、HEK293細胞、COS-1細胞、COS-7細胞、HeLa細胞、チャイニーズハムスター (CHO) 細胞等が挙げられる。これらの中でも、CHO細胞、HEK293細胞などが好ましい

細胞を宿主とする場合、用いられる発現ベクターと宿主細胞の組合せは実験の目的により異なるが、その組合せにより、一過的発現、構成的発現の2種類の発現方式が考えられる。

上記(C)における微生物及び細胞の形質転換とは、DNAを強制的な方法や、

細胞の貪食能により微生物や細胞に取り込ませ、プラスミド状態あるいは染色体に組み込まれた状態でDNAの形質を一過的あるいは構成的に発現させることである。当業者であれば公知の方法によって形質転換できる（例えば実験医学別冊遺伝子工学ハンドブック）。例えば動物細胞の場合、DEAE-デキストラン法、リン酸カルシウム法、エレクトロポレーション法（電気穿孔法）、リポフェクション法などの方法でDNAを細胞に導入することができる。動物細胞を用いて、本発明のタンパク質を安定に発現させる方法としては、上記の動物細胞に導入された発現ベクターが染色体に組み込まれた細胞をクローン選択によって選択する方法がある。具体的には、上記の選択マーカーを指標にして形質転換体を選択する。さらに、このように選択マーカーを用いて得られた動物細胞に対して、繰り返しクローン選択を行なうことにより本発明のタンパク質の高発現能を有する安定な動物細胞株を得ることができる。また、Dihydrofolate reductase (DHFR) 遺伝子を選択マーカーとして用いた場合Methotrexate (MTX) 濃度を徐々に上げて培養し、耐性株を選択することにより、DHFR遺伝子とともに、本発明のタンパク質をコードするDNAを細胞内で増幅させて、さらに高発現の動物細胞株を得ることもできる。

【 0 0 5 2 】

上記の形質転換体を本発明のタンパク質をコードするDNAが発現可能な条件下で培養し、本発明のタンパク質を生成、蓄積せしめることによって、本発明のタンパク質またはその塩を製造することができる。すなわち本発明は、上記の形質転換体から上記DNAにコードされているポリペプチドを発現させることを含むポリペプチドの製造方法である。

【 0 0 5 3 】

上記の形質転換体の培養は、当業者に公知の方法で行なうことができる（例えばバイオマニュアルシリーズ4、羊土社）。例えば動物細胞の場合、各種の動物細胞培養法、例えば、シャーレ培養、マルチトレイ式培養、モジュール培養などの付着培養、または細胞培養用担体（マイクロキャリアー）に付着させるか生産細胞自体を浮遊化させ浮遊培養等の公知の方法により培養を行なえば良い。培地は通常良く用いられる動物細胞用の培地、例えばD-MEMやRPMI 1640

等を用いれば良い。

【 0 0 5 4 】

上記培養物から本発明のタンパク質を分離精製するには、自体公知の分離・精製法を適切に組み合わせて行なうことができる。これらの公知の分離、精製法としては、塩析や溶媒沈澱法などの溶解度を利用する方法、イオン交換クロマトグラフィーなどの荷電の差を利用する方法、透析法、限外ろ過法、ゲルろ過法、およびSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動法などの主として分子量の差を利用する方法、アフィニティークロマトグラフィーなどの特異的親和性を利用する方法、逆相高速液体クロマトグラフィーなどの疎水性の差を利用する方法、等電点電気泳動法などの等電点の差を利用する方法などが用いられる。

【 0 0 5 5 】

本発明のタンパク質を他のタンパク質との融合タンパク質として製造することができる。これらも、本発明に含まれる。この融合タンパク質を発現する際に用いられるベクターとしては、該タンパク質をコードするDNAを組み込むことができ、かつ該融合タンパク質を発現することができるベクターであれば、いかなるベクターでも用いることができる。融合タンパク質としては、例えばグルタチオン-S-トランスフェラーゼ (GST)、ヒスチジン残基の6個の連続配列 (6×His) 等が挙げられる。本発明のタンパク質を他の蛋白質と融合した蛋白質として発現させた場合には、融合した蛋白質に親和性をもつ物質を用いたアフィニティークロマトグラフィーを用いて精製することができ、有利である。例えば、GSTとの融合蛋白質として生産した場合は、グルタチオンをリガンドとするアフィニティークロマトグラフィーにより精製することができる。

本発明は、(6)のタンパクの活性を阻害するタンパクを含む。例えば、抗体やタンパクの活性中心等に結合し、活性の発現を妨げるタンパクが挙げられる。

【 0 0 5 6 】

本発明は、前記の本発明のタンパク質あるいはその部分ペプチドに対する抗体ならびにその製造方法に関する。抗体は、本発明のタンパク質を認識し得る抗体であれば、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、ならびにこれらの抗体のフラグメント、一本鎖抗体、ヒト化抗体の何れであってもよい。抗体フラグメン

トは、公知の技術によって作製することができる。例えば、該抗体フラグメントには、限定されるものではないが、 $F(a b')_2$ フラグメント、 $F a b'$ フラグメント、 $F a b$ フラグメント及び $F v$ フラグメントが含まれる。本発明のタンパク質に対する抗体は、本発明のタンパク質あるいはそのペプチドを抗原として用い、自体公知の抗体または抗血清の製造法に従って製造することができる。例えば実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック 改訂第3版に記載の方法が挙げられる。

【 0 0 5 7 】

ポリクローナル抗体の場合であれば、例えば、本発明のタンパク質をウサギなどの動物に本発明のタンパク質あるいはペプチドを注射することにより該タンパク質あるいはペプチドに対する抗体を産生させ、次いで血液を採取し、これを、例えば硫酸沈殿、イオン交換クロマトグラフィー、あるいは該タンパク質を固定化したアフィニティーカラム等によって精製することで調製することができる。

【 0 0 5 8 】

モノクローナル抗体の場合は、例えば、本発明のタンパク質をマウスなどの動物に免疫し、同マウスから脾臓を抽出し、これをすりつぶして細胞にし、マウスミエローマ細胞とポリエチレングリコールなどの試薬により融合させ、これによりできた融合細胞（ハイブリドーマ）の中から、本発明のタンパク質に対する抗体を産生するクローンを選択する。次いで、得られたハイブリドーマをマウス腹腔内に移植し、同マウス内より腹水を回収し、得られたモノクローナル抗体を、例えば硫酸沈殿、イオン交換クロマトグラフィー、あるいは該タンパク質を固定化したアフィニティーカラム等によって精製することで調製することができる。

【 0 0 5 9 】

得られた抗体をヒトに投与する目的で使用する場合は、免疫原性を低下させるために、ヒト型化抗体あるいはヒト抗体を用いることが好ましい。ヒト型化抗体は、トランスジェニックマウスまたは他の哺乳動物を用いて作製することができる。ヒト型化抗体の一般的概説は、例えば、M o r r i s o n, S. L. e t a l. [P r o c. N a t l. A c a d. S c i. U S A, 8 1 : 6 8 5 1 - 6 8 5 5 (1 9 8 4)]、J o n e s, P. T. e t a l [N a t u r e 3 2

1 : 5 2 2 - 5 2 5 (1 9 8 6)]、野口浩〔医学のあゆみ 1 6 7 : 4 5 7 - 4 6 2 (1 9 9 3)]、松本隆志〔化学と生物 3 6 : 4 4 8 - 4 5 6 (1 9 9 8)] によって供されている。ヒト化キメラ抗体は、マウス抗体の V 領域とヒト抗体の C 領域を遺伝子組換えにより結合し、作製することができる。ヒト化抗体は、マウスのモノクローナル抗体から相補性決定部位 (C D R) 以外の領域をヒト抗体由来の配列に置換することによって作製できる。また、免疫系をヒトのものと入れ換えたマウスを用いて、該マウスを免疫して、通常のモノクローナル抗体と同様に直接ヒト抗体を作製することもできる。これらの抗体は、本発明のタンパク質を細胞抽出液、または本発明のタンパク質を産生する形質転換細胞から精製するのに使用できる。更にこれらの抗体は、細胞や組織中の本発明のタンパク質を検出する E L I S A や R I A (ラジオイムノアッセイ)、またはウエスタンブロット系の構築に使用できる。このような検出系は、診断目的に使用することができる。また、これらの抗体は、本発明のタンパク質の機能を研究する試薬としても用いることができる。

【 0 0 6 0 】

本発明の抗体は精製され得、次いで患者に投与され得る。すなわち本発明は、上記に記載の抗体を有効成分として含有する医薬、および抗体を用いた治療方法である。これらの医薬は治療的使用のためにさらなる有効成分または不活性成分 (例えば、従来の薬学的に受容可能なキャリアまたは希釈剤 (例えば、免疫原性アジュバント) と、生理学的に無毒の安定化剤および賦形剤とともに組み合わせられ得る。これらの組み合わせは、濾過滅菌され、そして凍結乾燥により投薬バイアル中に、または安定化水性調製物中の貯蔵物として投薬形態にされ得る。これらの抗体は、本発明のタンパク質で仲介される N F - κ B の活性化を阻害し、治療効果を示す。

【 0 0 6 1 】

本発明の D N A は、細胞内シグナリングプロセスに関与する他のタンパク質を単離、同定、クローン化することにも使用できる。例えば、本発明のタンパク質をコードする D N A 配列は、コードされたタンパク質を「バイト (b a i t) 」として用いて、 c D N A またはゲノム D N A ライブラリーから、本発明のタンパ

ク質に結合できるタンパク質をコードする他の配列「プレイ (p r e y)」を単離し、クローン化する酵母ツーハイブリッドシステム (例えば N a t u r e、3 4 0 : 2 4 5 - 2 4 6 (1 9 8 9)) に用いることができる。同様の方式で、本発明のタンパク質が、他の細胞タンパク質 (例えば N I K, T R A F 2) に結合できるかどうかも決定することができる。あるいは別の方法として、本発明のタンパク質の抗体を用いた免疫沈降法 (例えば、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック) によって、本発明のタンパク質に結合し得るタンパク質を細胞抽出物から単離する方法が挙げられる。さらに別の方法として、上記に記載のように、本発明のタンパク質を他のタンパク質との融合タンパク質として発現させ、融合タンパク質に対する抗体を用いて免疫沈降法を行ない、本発明のタンパク質に結合し得るタンパク質を単離する方法が挙げられる。

【 0 0 6 2 】

本発明の DNA は、本発明の DNA を用いることによって、本発明のタンパク質またはその部分ペプチドをコードする DNA または mRNA の異常を検出することができるので、例えば、該 DNA または mRNA の損傷、突然変異あるいは発現低下や、増加あるいは発現過多などの遺伝子診断に有用である。すなわち本発明は、個体における NF- κ B の発現または活性に関連した疾病の診断方法であって

(a) 被験者におけるゲノム中の NF- κ B タンパク質をコードする塩基配列の変異の有無を測定することおよび／または

(b) 被験者における前記 (6) のタンパク発現量を測定し、正常値と比較すること

を含む NF- κ B の活性化に関連付けられる疾患の診断方法に関する。

【 0 0 6 3 】

(a) により、NF- κ B タンパク質をコードする塩基配列に変異がある場合は、該変異が NF- κ B の発現または活性に関連した疾病を引き起こす可能性がある。あるいは、(b) により、被験者における前記 (6) のタンパク発現量を測定し正常値を異なる値を示す場合は、NF- κ B を活性化する本発明の新規タンパク質の発現量異常が NF- κ B の発現または活性に関連した疾病の原因であ

る可能性がある。ここで、(a) の NF- κ B タンパク質をコードする塩基配列の変異の有無を測定する方法としては、NF- κ B 遺伝子の塩基配列の一部をプライマーとして、RT-PCRを行い、その後通常の塩基配列決定方法によって配列を決定し、変異の有無を検出できる。あるいは、PCR-SSCP法 (Genomics、5: 874-879、1989年、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック) によっても変異の有無を調べることができる。また、(b) のタンパク発現量を調べる方法としては、例えば、前記(15)に記載の抗体を利用する方法が挙げられる。塩基配列を決定する方法としては、例えば、上記(3)～(5)に記載の遺伝子の塩基配列の一部をプライマーとしてRT-PCRを行ない、その後通常の塩基配列決定方法によって配列を決定し変異の有無を検出できる。あるいはPCR-SSCP法 (Genomics、5: 874-879、1989年、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック) によっても変異の有無を調べることができる。また、本発明は、本発明のタンパク質のNF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物のスクリーニング方法に関する。

【0064】

このスクリーニング方法は(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供し得る成分により宿主細胞を形質転換する工程、(b) 該遺伝子が宿主細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、(c) 該形質転換された宿主細胞と1あるいは複数個の被検化合物とを接触させる工程、及び(d) 検出可能シグナルを測定する工程、を含む。検出可能なシグナルを提供し得る成分としては、例えばレポーター遺伝子が挙げられる。レポーター遺伝子は、テストを行なう転写因子の活性化を直接検出するかわりに用いられるもので、調べたい遺伝子のプロモーターをレポーター遺伝子につなぎ、レポーター遺伝子の産物の活性を測定することによってプロモーターの転写活性の解析を行なうものである(バイオマニユアルシリーズ4、羊土社(1994))。レポーター遺伝子としては、その発現産物の活性または生産量(mRNAの生産量も含まれる)を当業者が測定可能なものであれば、いかなるペプチド、タンパク質をコードする遺伝子も用いることができる。例えば、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ、 β -

ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ等の酵素活性を測定することで利用できる。NF- κ Bの活性化を評価するのに用いるレポータープラスミドとしては、NF- κ B認識配列をレポーター遺伝子上流に組み込んだものであればよく、例えばpNF- κ B-Luc (STRATAGENE社)が利用できる。あるいは、Tanaka S. et. al J. Vet. Med. Sci. Vol. 59 (7)、Rothe M. et. al. Science Vol. 269 p1424-1427 (1995)に記載のNF- κ B依存レポータープラスミドが例示される。宿主細胞としては、NF- κ Bの活性化を検出し得る細胞であればよく、好ましくは哺乳動物細胞であり、例えば293EBNA細胞が好適に用いられる。形質転換及び培養に関しては、上記に記載の通りである。NF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物のスクリーニングは、具体的には例えば、一定時間培養した形質転換細胞に、被験物質を任意の量添加し、一定時間後の該細胞が発現するレポーター活性を測定し、被験物質を添加しない細胞のレポーター活性と比較することにより、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングすることができる。レポーター活性の測定は、当業者に公知の方法（例えばバイオマニュアルシリーズ4、羊土社（1994））で行なうことができる。スクリーニングの被検物質には特に制限はなく、低分子化合物、ペプチドなどが挙げられる。被検化合物は、人工的に合成したものであっても、天然に存在するものであっても良い。また単一物質でも、混合物でも良い。検出可能なシグナルとしては、上記レポーター遺伝子の他に、NF- κ Bの活性化によって発現が誘導されることが知られている遺伝子、例えばIL-1やTNF- α のmRNA量あるいはタンパク量を測定しても良い。

【0065】

すなわち、以下の(a)～(d)の工程によりNF- κ Bの活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングすることも可能である。

(a) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子により宿主細胞を形質転換する工程、

(b) 該遺伝子が宿主細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) NF- κ B または NF- κ B により発現が誘導されるタンパクの mRNA 量あるいはタンパクを測定する工程。

【 0 0 6 6 】

mRNA 量の測定は、例えばノーザンハイブリダイゼーションや RT-PCR 法などが挙げられる。タンパク量の測定は例えば抗体を用いる方法が挙げられる。抗体は公知の方法によって作製しても良いし、市販のもの（例えば和光純薬工業株式会社）を使用することもできる。また本発明は、上記スクリーニングによって得られた化合物を含む。しかしながら、本発明のスクリーニング方法は、上記の方法に限定されるものではない。さらに、上記（12）に記載の方法により上記化合物を製造する方法も含む。

【 0 0 6 7 】

本発明は、NF- κ B の活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングするためのキットである。該キットは、(a) NF- κ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供する成分により形質転換された宿主細胞、(b) 該遺伝子を宿主細胞内で現可能にする培地、から成り、NF- κ B の活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングするために必要な試薬類を含むキットを提供する。

【 0 0 6 8 】

NF- κ B は、炎症、自己免疫疾患、ガン及びウイルス感染などの多種の病理学的状態におけるその関与のため、薬物デザイン及び治療介入のための魅力的な標的である。多数の実験が、NF- κ B 活性の阻害が深い生理学的作用を有し得ることを示している（例えば、Ann. Rheum. Dis. 57, 738-741 (1998), American Journal of Pathology 152, 793-803 (1998), ARTHRITIS & RHEUMATISM 40, 226-236 (1997), Am. J. Respir. Crit. Care Med. 158, 1585-1592 (1998), J. Exp. Med. 188 1739-1750 (1998), Gut 42, 477-484 (1998), The Journal of Immunology 161, 4572-4582 (1998), Nature Medicine 3, 894-899 (1997)）。本明細書中に報告する NF- κ B を活性化する作用を有する新規タンパク質の発見

により、異常なNF- κ B機能を阻害する新しい方法が提供された。さらなる具体例において、本発明は、NF- κ Bの活性化を阻害するための前記のNF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質の機能を阻害する化合物を用いる方法に関する。上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を阻害する化合物は、例えば炎症、自己免疫疾患、感染症（1例としてHIV感染症）、ガンなどの、NF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患の治療または予防する医薬として有用である。更に、NF- κ Bの活性化が細胞のアポトーシスを阻害することが、最近明らかになりつつある。上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を阻害する化合物は、アポトーシスを促進する機能を持つ可能性も考えられる。アポトーシスの誘導が治療につながる疾患としては、腫瘍が挙げられる。

【0069】

逆に、アポトーシスの抑制が治療につながる疾患としてはGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、増殖性腎炎（IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎）、劇症肝炎などが挙げられる。よって、上記スクリーニング方法によって得られた、NF- κ Bの活性化を作動する化合物はこれらの疾患の治療または予防のための医薬として有用である。

【0070】

更に、本発明のタンパク質をコードする遺伝子は、癌、自己免疫疾患、アレルギー性疾患、および炎症性応答を初めとする様々な疾患の治療を目的とした遺伝子治療にも有用である。遺伝子治療とは、疾病の治療を目的として、遺伝子または遺伝子を導入した細胞をヒトの体内に投与することを意味する。本発明のタンパク質や該タンパク質をコードする蛋白質やDNAは、診断目的にも使用できる。

【0071】

本発明のスクリーニング方法を用いて得られる化合物またはその塩を上述の医薬組成物として使用する場合、常套手段に従って実施することができる。例えば、錠剤、カプセル剤、エリキシル剤、マイクロカプセル剤、無菌性溶液、懸濁液剤などとすることができる。このようにして得られる製剤は安全で低毒性である

ので、例えば、ヒトや哺乳動物（例えば、ラット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ネコ、イヌ、サルなど）に対して投与することができる。患者への投与は、例えば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射など当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされうるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組み込み、遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。すなわち本発明は、上記化合物を有効成分として含有する医薬に関する。

【 0 0 7 2 】

さらに、上記化合物は、炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、感染症、ガンなどの、NF- κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患の治療または予防する医薬として有用である。すなわち本発明は、上記化合物を含む炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、ガンなどの医薬に関する。具体的には、例えば、慢性関節リウマチ、変形性関節症、全身性エリテマトーデス、糖尿病、敗血症、喘息、アレルギー性鼻炎、虚血性心疾患、炎症性腸疾患、くも膜下出血、ウイルス肝炎、エイズ、などに対する治療及び予防薬として有用である。

【 0 0 7 3 】

さらにまた、本発明は、炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、ガンなどの医薬の製造における上記（13）記載の化合物の使用も含む。また本発明は、上記（3）～（5）に記載の遺伝子に対するアンチセンスオリゴヌクレオチドである。アンチセンスオリゴヌクレオチドは、標的とした遺伝子配列に対して相補的な配列を持つオリゴヌクレオチドを用いて、タンパク質への翻訳、細胞質への輸送、あるいは全体的な生物活性機能に必要な他の活性等のRNAの機能を阻害することによって、標的遺伝子の発現を抑制することができる。この際、アンチセンスオリゴヌクレオチドとしては、RNAを用いても良いし、DNAを用いても良い。本発明のDNA配列は、本発明のタンパク質をコードする遺伝子から転写されたmRNAとハイブリダイズし得るアンチセンスオリゴヌクレオチドを作製するために使用できる。一般にアンチセンスオリゴヌクレオチドが、その遺伝子

の発現に対して抑制的に作用することは公知での事実である（例えば、細胞工学 Vol. 13 No. 4 (1994)）。本発明のタンパク質をコードする遺伝子に対するアンチセンスコード配列を有するオリゴヌクレオチドは、標準の方法で細胞内に導入することができ、該オリゴヌクレオチドは、本発明のタンパク質をコードする遺伝子の mRNA の翻訳を効果的に遮断して、その発現を遮断して、望ましくない作用が阻害される。

【 0 0 7 4 】

本発明のオリゴヌクレオチドは、天然に見出されるオリゴヌクレオチドの他に、修飾されたものであっても良い〔例えば、村上&牧野：細胞工学 Vol. 13 No. 4 p 259-266 (1994)、村上章：蛋白質核酸酵素 Vol. 40 No. 10 p 1364-1370 (1995)〕。従って、オリゴヌクレオチドは変化した糖部分あるいは糖間部分を有していても良い。これらの例は、当該技術分野において使用が知られているホスホチオエート及び他のイオウ含有種である。幾つかの好ましい態様に従えば、オリゴヌクレオチドの少なくとも一つのホスホジエステル結合が、その活性が調節されるべき RNA が位置する細胞の領域に浸透する組成物の能力を高める機能を有する構造により置換される。

【 0 0 7 5 】

このような置換は、ホスホチオエート結合、ホスホロアミデート結合、メチルホスホネート結合または短鎖アルキルもしくはシクロアルキル構造を含むことが好ましい。オリゴヌクレオチドはまた、少なくとも幾つかの修飾された塩基型を含んでいても良い。従って、天然に通常見いだされるもの以外のプリン及びピリミジンを使用しても良い。同様に本発明の本質的な意図が実行される限り、ヌクレオチドサブユニットのフラノシル部分を修飾することもできる。このような修飾の例は、2'-O-アルキル、及び2'-ハロゲン置換ヌクレオチドである。本発明において有用な幾つかの糖部分の2'位の修飾の例は、OH、SH、SCH₃、OCH₃、OCN、またはO(CH₂)_nCH₃（ここでnは1から約10である）、及び同様の特性を有する他の置換基である。全てのこのような類似体は、本発明の遺伝子の mRNA とハイブリダイズしてその RNA の機

能を阻害する機能を果たす限り、本発明に包含される。

【 0 0 7 6 】

本発明のオリゴヌクレオチドは、約 3 から約 5 0 ヌクレオチドを含み、約 8 から約 2 5 ヌクレオチドを含むことが好ましく、約 1 2 から約 2 0 ヌクレオチドを含むことがさらに好ましい。本発明のオリゴヌクレオチドは、周知の方法である固相合成法により作製することができる。このような合成のための装置は、A p p l i e d B i o s y s t e m s を含む幾つかの業者により販売されている。ホスホチオエート等の他のオリゴヌクレオチドの製造も当業者に公知の方法で作製できる。

【 0 0 7 7 】

本発明のオリゴヌクレオチドは、本発明の遺伝子から転写される m R N A とハイブリダイズできるように設計される。与えられた遺伝子の配列に基づいてアンチセンスオリゴヌクレオチドを設計する方法は、当業者であれば容易である。

一方、三重らせん形成（トリプル・ヘリックス技術）は、核内の D N A を標的とした、主に転写の段階での遺伝子発現制御方法である。オリゴヌクレオチドは、主に転写に関与する遺伝子領域に設計され、それにより、転写及び本発明のタンパク質の産生を抑える。これらの R N A、D N A、オリゴヌクレオチドは、公知の合成装置などを用いて製造することができる。

【 0 0 7 8 】

本発明のオリゴヌクレオチドは、標的核酸配列を含む細胞に、例えばリン酸カルシウム法、リポフェクション法、エレクトロポレーション法、マイクロインジェクション法などの D N A トランスフェクション法、またはウイルスなどの遺伝子導入ベクターの使用を含む遺伝子導入法のいずれを用いて導入してもよい。適切なレトロウイルスベクターを用いてアンチセンスオリゴヌクレオチド発現ベクターを作製し、その後、該発現ベクターを細胞と i n v i v o または e x v i v o で接触させることにより、標的核酸配列を含む細胞に導入できる。

【 0 0 7 9 】

本発明の D N A は、アンチセンス R N A / D N A 技術またはトリプル・ヘリックス技術を用いて、本発明のタンパクを介する N F - κ B の活性化を阻害するの

に使用できる。

本発明のタンパク質をコードする遺伝子のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、例えば炎症、自己免疫疾患、感染症（例えば、H I V感染症）、ガンなどの、N F - κ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患を治療または予防する医薬として有用である。すなわち、本発明は、上記アンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬である。また、本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、ノーザンハイブリダイゼーション法またはP C R法を用いてそれらの疾病の検出に利用することもできる。

【 0 0 8 0 】

本発明は、N F - κ Bの活性化を阻害するリボザイムである。リボザイムは、核酸の塩基配列を認識して、核酸を切断する活性を持つR N Aである（例えば、柳川弘志 実験医学バイオサイエンス12、R N Aのニューエイジ）。リボザイムは、選択された標的R N A、例えば本発明のタンパク質をコードするm R N Aを開裂するように製造することができる。本発明のタンパク質をコードするD N Aの塩基配列を基に、本発明のタンパク質のm R N Aを特異的に切断するリボザイムを設計することができ、かようなリボザイムは本発明のタンパク質のm R N Aに対して相補的な配列を有し、該m R N Aと相補的結合し、ついで該m R N Aが開裂され本発明のタンパク質の発現が減少し（または完全に発現せず）、発現減少のレベルは標的細胞内でのリボザイム発現のレベルに依存している。

【 0 0 8 1 】

よく用いられるリボザイムには、ハンマーヘッド型とヘアピン型の2種類があり、特にハンマーヘッド型リボザイムは切断活性に必要な一次構造や二次構造がよく調べられており、当業者であれば、本発明のタンパク質をコードするD N Aの塩基配列情報のみで容易にリボザイムの設計が可能である〔例えば、飯田ら：細胞工学Vol.16 No.3,p438-445 (1997)、大川&平比良：実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)〕。ハンマーヘッドリボザイムは、標的R N Aと相補鎖を形成する2ヶ所の認識部位（認識部位Iと認識部位I I）と活性部位からなる構造をなし、標的R N Aと認識部位で相補対を形成した後、標的R N AのN U Xの配列（N：AまたはGまたはCまたはU、X：AまたはCまたはU）の3'末端側で切断

することが知られており、特にGUC（あるいはGUA）が一番高い活性を持つことが知られている〔例えばKoizumi,Mら:Nucl. Acids Res.17,7059-7071(1989)、飯田ら:細胞工学Vol.16 No.3,p438-445 (1997)、大川&平比良:実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)、川崎&多比良:実験医学 Vol.18 No.3 p381-386 (2000)〕。

【 0 0 8 2 】

そこでまず、本発明のDNA配列の中からGTC（またはGTA）の配列を探し出し、その前後で数塩基から十数塩基の相補対をつくることができるようにリボザイムを設計する。設計したリボザイムの適切性の評価は、作製したリボザイムが、インビトロで標的mRNAを切断できるかどうかを調べることで評価できる。リボザイムの調製は、RNA分子を合成するための当分野で周知の方法により調製する。

【 0 0 8 3 】

別法としては、リボザイムの配列をDNA合成機で合成し、例えばT7或いはSP6のような適切なRNAポリメラーゼプロモータを有する多種のベクターに組み込み、インビトロで酵素的にRNAを合成させる方法が挙げられる。これらのリボザイムは、例えばマイクロインジェクション法などの遺伝子導入方法によって細胞内に導入できる。あるいは別の方法として、リボザイムDNAを適当な発現ベクターに組み込んで、株細胞、細胞或いは組織内に導入する。選択された細胞中にリボザイムを導入するのに、適切なベクターを使用することができ、例えばプラスミドベクター、動物ウイルス（例えばレトロウイルス、アデノウイルス、ヘルペスあるいはワクシニアウイルス）ベクターがこれらの目的に通常用いられるこれらのリボザイムは、本発明のタンパク質で仲介されるNF- κ Bの活性化を阻害する作用を有する。

【 0 0 8 4 】

本発明は、機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、オリゴキャッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製する方法および該機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子を用いる方法からなる取得方法に関する。

機能を有する遺伝子（cDNA）を多数取得するためには、不完全長のものが多いcDNAライブラリーを用いると効率が悪い。したがって、全体のクローンの中で、完全長のものの割合が高いライブラリーが必要となる。完全長cDNAは遺伝子から出来るmRNAの完全なコピーのことである。オリゴキャッピング法で作製したcDNAライブラリーは、完全長cDNAの割合が50～80%であり、従来の方法で作製されたcDNAライブラリーと比べて、5～10倍の完全長cDNAクローンの濃縮になっている（菅野純夫：月刊 BIO INDUSTRY Vol.16 No.11 p19-26）。完全長cDNAは、遺伝子の機能解析においては、タンパク質発現のために必須なクローンであり、完全長cDNAのクローンそのものが活性測定のための材料として極めて重要なものであるため、遺伝子の機能解析を試みるに際して、完全長cDNAのクローニングは必須の要件である。さらにその配列を決定することで、それがコードするタンパク質の一次配列を確定するための重要な情報となると同時に、遺伝子の全エクソンの配列も分かる。すなわち、完全長cDNAは、遺伝子を同定する上で貴重な情報、例えばタンパク質の一次配列、エクソン-イントロン構造、mRNAの転写開始点、プロモーターの位置などを決めるための情報をも与える。

【0085】

オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製は、例えば実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック改訂第3版（1999年）に記載の方法に従い行うことができる。機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子は、転写因子等のタンパク質因子が結合できる適切な発現制御配列部分（1つまたは複数）と、その転写因子等による活性化を測定できる構造遺伝子部分からなる。構造遺伝子部分は、その発現産物の活性または生産量（mRNAの生産量も含まれる）を等業者が測定可能なものであれば、いかなるペプチド、タンパク質をコードする遺伝子も用いることができる。例えば、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ、 β -ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ等を用いることができ、その酵素活性を測定することで利用できる。

【0086】

本発明において、オリゴキャッピング法とは、鈴木・菅野 実験医学別冊 遺

伝子工学ハンドブック改訂第3版に記載のように、BAP, TAP, RNAリガーゼにより、キャップ構造を合成オリゴに置換する方法である。

本発明の方法は、インビトロ (in vitro) の系、あるいは細胞を用いて (cell-based) の系のどちらの方法でも良く、好ましくは細胞を用いた系である。細胞は、原核大腸菌をはじめとする原核生物、酵母、真菌等の微生物、及び昆虫や動物等の細胞のいずれでも良く、好ましくは動物細胞であり、293EBNA細胞、NIH3T3細胞が例示できる。

【0087】

機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子としては、本願明細書に示したNF- κ Bのレポーター遺伝子の他に、例えばCREB (cAMP responsive element binding protein) 結合配列あるいはAP-1 (activator protein-1) 結合配列をレポーター遺伝子の発現制御配列部分に有するレポーター遺伝子が挙げられる。例えば、CREBを活性化する機能を有する遺伝子を取得したい場合は、CREB依存レポータープラスミドとオリゴキャッピング法で作製した完全長cDNAクローンを細胞に共導入し、その中からレポーター活性が上昇したプラスミドを選ぶことによって、該目的を達成することができる。また、CREBを抑制する機能を有する遺伝子を取得したい場合は、CREB依存レポータープラスミドとオリゴキャッピング法で作製した完全長cDNAクローンを細胞に共導入し、その中からレポーター活性が減少したプラスミドを選ぶことによって、該目的を達成することができる。この場合、細胞に何らかの刺激を加えた状態で行なっても良い。cDNAクローンの細胞への導入は、1クローンでも良いし、複数のクローンを同時に導入しても良い。本発明の該方法の一例は、本願明細書実施例に詳細に記述してある。あるいは、完全長cDNAとレポーター遺伝子を細胞に導入した後、細胞をIL-1あるいはTNF- α などで刺激し、レポーター活性の上昇の弱いクローンを選ぶことによって、NF- κ Bの活性化を抑制する機能を有する遺伝子を取得するためのスクリーニング系を構築することもできる。

【0088】

しかしながら、本発明の該方法は、この方法に限定されるものではない。

また、本発明の cDNA は、完全長 cDNA であるため、その 5' 末端の配列が mRNA の転写開始点であり、該 cDNA 配列をゲノムの塩基配列と比較することにより、該遺伝子のプロモーター領域を同定することに利用できる。ゲノムの塩基配列は、データベースに公知の配列として登録されている場合はその配列を利用できる。あるいは、該 cDNA を用いて例えばハイブリダイゼーションによってゲノムライブラリーからクローニングし、塩基配列を決めることもできる。このようにして、本発明の cDNA の塩基配列をゲノムの配列と比較することによって、その上流に存在する該遺伝子のプロモーター領域を同定することが可能である。さらに、このようにして同定した該遺伝子のプロモーター断片を用いて該遺伝子の発現を調べるレポータープラスミドを作製することができる。レポータープラスミドは、大方の場合、転写開始点からその上流 2 kb、好ましくは転写開始点からその上流 1 kb の DNA 断片をレポーター遺伝子の上流に組み込むことによって作製できる。さらに該レポータープラスミドは、該遺伝子の発現を増強あるいは減弱させる化合物のスクリーニングに利用できる。具体的には例えば、該レポータープラスミドで適当な細胞を形質転換し、一定時間培養した形質転換細胞に、被験物質を任意の量添加し、一定時間後の該細胞が発現するレポーター活性を測定し、被験物質を添加しない細胞のレポーター活性と比較することによりスクリーニングすることができる。これらも本発明に含まれる。

【 0 0 8 9 】

また本発明は、配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88 または 90 で表される塩基配列からなるポリヌクレオチドを含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体に関する。

【 0 0 9 0 】

さらに本発明は、上記に記載の媒体上のデータと他の塩基配列のデータを比較して相同性の算出を行う方法に関する。すなわち、本発明の遺伝子およびアミノ酸配列は、その 2 次元および 3 次元構造を決定し、例えば同様の機能を有する相

同性の高いさらなる配列を同定するための貴重な情報源となる。これらの配列をコンピュータ読み込み可能媒体に保存し、ついで既知の高分子構造プログラムにおいて保存したデータを用いて、GCGのような既知検索ツールを用いてデータベースを検索すれば、データベース中の、ある相同性を有する配列を見出すことは容易である。

【 0 0 9 1 】

コンピュータ読み取り可能媒体は情報またはデータを保存するのに用いる物体のいずれの組成物であってもよく、例えば、市販フロッピーディスク、テープ、チップ、ハードドライブ、コンパクトディスク、およびビデオディスク等がある。また、本媒体上のデータは、他の塩基配列のデータと比較して相同性の算出を行なう方法を可能にする。この方法には、本発明ポリヌクレオチド配列を含む第一のポリヌクレオチド配列をコンピュータ読み込み可能媒体中に提供し、次いで、該第一のポリヌクレオチド配列を少なくとも一つの第二のポリヌクレオチドまたはポリペプチド配列と比較して相同性を同定する工程を含む。

【 0 0 9 2 】

【実施例】

以下に、実施例を挙げて本発明を詳しく説明するが、本発明は、これらの例に何ら限定されるものではない。

(実施例 1) オリゴキャッピング法を用いた完全長 cDNA ライブラリーの作製

(1) ヒト肺線維芽細胞 (Cryo NHLF) からの RNA 調整

ヒト肺線維芽細胞 (Cryo NHLF : 三光純薬株式会社より購入) を、添付のプロトコールに従って培養した。10 cm シャーレ 50 枚まで継代培養した後、セルスクレーパーで細胞を回収した。次いで、回収した細胞から RNA 抽出用試薬 ISOGEN (ニッポンジーンより購入) を用いて全 RNA を取得した。取得の具体的方法は、試薬のプロトコールに従った。次いで、オリゴ-dT セルロース カラムを用いて、全 RNA からポリ A⁺ RNA を取得した。ポリ A⁺ RNA 取得の具体的方法は、上記 Maniatis の実験書に従った。

【 0 0 9 3 】

(2) オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製

上記ポリA⁺RNAから、オリゴキャッピング法により完全長cDNAライブラリーを作製した。オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製の具体的方法は、菅野らの方法〔例えば、Maruyama, K. & Sugano, S. Gene, 138:171-174 (1994)、Suzuki, Y. et al. Gene, 200:149-156 (1997)、鈴木・菅野 実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック改訂第3版〕に従って作製した。

【0094】

(3) プラスミドDNAの調整

上記実施例で作製した完全長cDNAライブラリーを、エレクトロポレーション法によって大腸菌TOP10株に形質転換した後、100 μ g/mlアンピシリンを含有するLB寒天培地に塗布し、37℃で一晩インキュベートした。続いて、アンピシリン含有LB寒天培地上で生育した大腸菌のコロニーから、QIAGEN社のQIAwell 96 Ultra Plasmid Kitを用いてプラスミドを回収した。具体的方法は、QIAwell 96 Ultra Plasmid Kitに添付のプロトコールに従った。

【0095】

(実施例2) NF- κ Bを活性化する作用を有するDNAのクローニング

(1) NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするcDNAのスクリーニング

293-EBNA細胞 (Invitrogen社より購入) を 1×10^4 Cells/wellとなるように、5%FBS存在下のDMEM培地を用い、24時間37℃で培養した(5%CO₂存在下)。次いで、FuGENE6 (Roche社より購入) を用いて、pNF κ B-Luc (STRATAGENE社より購入) 50ngと、上記実施例1. (3) で調整した完全長cDNA 2 μ lを1ウェルに共導入した。導入の方法は添付のプロトコールに従った。24時間37℃で培養後、ピッカジーンLT2.0 (東洋インキ社) を用いてNF- κ Bのレポーター活性を測定した。なおルシフェラーゼ活性は、Perkin Elmer社のWallac ARVOTMST 1420 MULTILABEL C

COUNTERを用いて行った。

【0096】

(2) 塩基配列の決定

上記スクリーニングを115、000クローン行い、ルシフェラーゼ活性が対照実験と比べて10倍以上上昇しているプラスミドを選抜し、まず、クローニングされているcDNAの5'側(シーケンスプライマー: 5'-CTTCTGCTCTAAAAGCTGCG-3' (配列番号3)

と3'側(シーケンスプライマー: 5'-CGACCTGCAGCTCGAGCACA-3' (配列番号4))からそれぞれone-passシーケンスを行ない、できる限り長く決定した。なお、塩基配列決定のための試薬や方法は、

Thermo Sequenase II Dye Terminator Cycle Sequencing Kit (アマシャム ファルマシア社)、あるいはBigDye Terminator Cycle Sequencing FS Ready Reaction Kit (アプライドバイオシステムズ社)を用い、ABI PRISM 377シーケンサー、あるいは、ABI

PRISM 3100シーケンサーを用い、各々キットに添付されている説明書に従って行なった。

【0097】

(3) 得られたクローンのデータベース解析

得られた塩基配列について、Genbankに対するBLAST (Basic local alignment search tool) [S. F. Altschul et al., J. Mol. Biol., 215: 403-410 (1990)] 検索を行なった。その結果、75クローンがNF- κ Bを活性化作用を有する新規のタンパク質をコードする45種類の遺伝子であった。

【0098】

(4) 全長シーケンス

45種類の新規のクローンについて全長塩基配列(配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、

82、84、86、88および90)を決定し、タンパク質をコードする部分(オープンリーディングフレーム)のアミノ酸配列(配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87および89)を予想した。

【0099】

(実施例3) NF- κ Bの活性化を阻害する化合物のスクリーニング

293-EBNA細胞を細胞培養用96wellプレートに、 1×10^4 Cells/ $100 \mu\text{l}$ /wellの細胞数になるように、5%FBS存在下のDMEM培地にまき、5%CO₂存在下、37℃で24時間培養した。次いで、FUGENE6を用いて、上記実施例2で得た、配列番号81のNF- κ Bを活性化作用を有するタンパク質をコードする遺伝子を含むプラスミド10ngと、レポータープラスミドpNF κ B-Luc50ngを1wellに共導入した。1時間後、プロテアソーム阻害剤であることが知られているMG132(CALBIOCHEMより購入)(Uehara T. et al. J. Biol. Chem. 274 p15875-15882(1999)、Wang X C. et al. Invest. Ophthalmol. Vis. Sci. 40 p477-486)を終濃度10 μM になるように培養液中に加えた。37℃で24時間培養後、ピッカジーンLT2.0を用いてレポーター活性を測定した。その結果、MG132はレポーター遺伝子の発現を抑制した(図1)。

【0100】

【発明の効果】

本発明により、産業上有用性の高いNF- κ Bを活性化作用を有するタンパク質やそれらの遺伝子が提供された。本発明のタンパク質やそれらの遺伝子により、NF- κ Bの過剰な活性化、又は阻害が関与する疾患の治療や予防に有用な化合物のスクリーニング、さらにそのような疾患の診断薬を作製することが可能である。更に本発明の遺伝子は、遺伝子治療に用いられる遺伝子ソースとしても有用である。

【 0 1 0 1 】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> ASAHI KASEI KOGYO KABUSHIKI KAISHA

<120> Novel Gene

<130> X12-1408

<160> 92

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 167

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Ser Gly Leu Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val

1

5

10

15

Val Tyr Lys Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr

20

25

30

Ser Glu Tyr Pro Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser

35

40

45

Ala Gly Pro Pro Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln
50 55 60

Asn Thr Gly His Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly
65 70 75 80

Gln Gln Gly Tyr Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly
85 90 95

Thr Gly Gly Ile Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr
100 105 110

Pro Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro
115 120 125

Gly Thr Trp Asn Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser
130 135 140

Tyr Ser Val Cys Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly
145 150 155 160

Tyr Gly Gly Thr Arg Arg Arg
165

<210> 2

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (194)..(694)

<400> 2

aaaaactgtg gtgagctgtg aaggctatga gtcctctgaa gaccagtatg tactaagagg 60

ttcttgtggc ttggagtata atttagatta tacagaactt ggcctgcaga aactgaagga 120

gtctggaaag cagcacggct ttgcctcttt ctctgattat tattataagt ggtcctcggc 180

ggattcctgt aac atg agt gga ttg att acc atc gtg gta ctc ctt ggg 229

Met Ser Gly Leu Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly

1

5

10

atc gcc ttt gta gtc tat aag ctg ttc ctg agt gac ggg cag tat tct 277

Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser

15

20

25

cct cca ccg tac tct gag tat cct cca ttt tcc cac cgt tac cag aga 325

Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg

30

35

40

ttc acc aac tca gca gga cct cct ccc cca ggc ttt aag tct gag ttc 373

Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe

45

50

55

60

aca gga cca cag aat act ggc cat ggt gca act tct ggt ttt ggc agt 421

Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser
65 70 75

gct ttt aca gga caa caa gga tat gaa aat tca gga cca ggg ttc tgg 469
Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp
80 85 90

aca ggc ttg gga act ggt gga ata cta gga tat ttg ttt ggc agc aat 517
Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn
95 100 105

aga gcg gca aca ccc ttc tca gac tcg tgg tac tac ccg tcc tat cct 565
Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro
110 115 120

ccc tcc tac cct ggc acg tgg aat agg gct tac tca ccc ctt cat gga 613
Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly
125 130 135 140

ggc tcg ggc agc tat tcg gta tgt tca aac tca gac acg aaa acc aga 661
Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg
145 150 155

act gca tca gga tat ggt ggt acc agg aga cga taaagtagaa agttggagtc 714
Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr Arg Arg Arg
160 165

aaacactgga tgcagaaatt ttggattttt catcactttc tctttagaaa aaaagtacta 774

cctgttaaca attgggaaaa ggggatattc aaaagttcgg tgggtgttatg tccagtgtag 834

ctttttgtat tctattattt gaggctaaaa gttgatgtgt gacaaaatac ttatgtgttg 894

tatgtcagtg taacatgcag atgtatattg cagtttttga aagtgatcat tactgtggaa 954

tgctaaaaat acattaattt ctaaaacctg tgatgcccta agaagcatta agaatgaagg 1014

tgttgtacta atagaaacta agtacagaaa atttcagttt taggtggttg tagctgatga 1074

gttattacct catagagact gtaatatctt atttgggtatt atattatttg atgtttgctg 1134

ttcttcaaac atttaaatac agctttggac taattatgct aatttgtgag ttctgatcac 1194

ttttgagctc tgaagctttg aatcattcag tgggtggagat ggccttctgg taactgaata 1254

ttaccttctg taggaaaagg tggaaaataa gcatctagaa ggttggttgat aatgactctg 1314

tgctggcaaa aatgcttgaa acctctatat ttcttttcgtt cataagaggt aaaggtcaaa 1374

tttttcaaca aaagtctttt aataacaaaa gcatgcagtt ctctgtgaaa tctcaaatat 1434

tgttgtaata gtctgtttca atcttaaaaa gaatcaat 1472

<210> 3

<211> 339

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 3

Met Ala Ala Ala Cys Gly Pro Gly Ala Ala Gly Tyr Cys Leu Leu Leu

1 5 10 15

Gly Leu His Leu Phe Leu Leu Thr Ala Gly Pro Ala Leu Gly Trp Asn

20 25 30

Asp Pro Asp Arg Met Leu Leu Arg Asp Val Lys Ala Leu Thr Leu His

35 40 45

Tyr Asp Arg Tyr Thr Thr Ser Arg Arg Leu Asp Pro Ile Pro Gln Leu

50 55 60

Lys Cys Val Gly Gly Thr Ala Gly Cys Asp Ser Tyr Thr Pro Lys Val

65 70 75 80

Ile Gln Cys Gln Asn Lys Gly Trp Asp Gly Tyr Asp Val Gln Trp Glu

85 90 95

Cys Lys Thr Asp Leu Asp Ile Ala Tyr Lys Phe Gly Lys Thr Val Val

100 105 110

Ser Cys Glu Gly Tyr Glu Ser Ser Glu Asp Gln Tyr Val Leu Arg Gly

115 120 125

Ser Cys Gly Leu Glu Tyr Asn Leu Asp Tyr Thr Glu Leu Gly Leu Gln

130 135 140

Lys Leu Lys Glu Ser Gly Lys Gln His Gly Phe Ala Ser Phe Ser Asp

145		150		155		160
Tyr Tyr Tyr Lys Trp Ser Ser Ala Asp Ser Cys Asn Met Ser Gly Leu						
	165		170		175	
Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu						
	180		185		190	
Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro						
	195		200		205	
Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro						
	210		215		220	
Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His						
	225		230		235	240
Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr						
	245		250		255	
Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile						
	260		265		270	
Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp						
	275		280		285	
Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn						
	290		295		300	

Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys
305 310 315 320

Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr
325 330 335

Arg Arg Arg

<210> 4

<211> 1924

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (115)..(1131)

<400> 4

gttccttcgc cgccgccagg ggtagcggtg tagctgcgca gcgtcgcgcg cgctaccgca 60

cccaggttcg gcccgtaggc gtctggcagc ccggcgccat cttcatcgag cgcc atg 117

Met

1

gcc gca gcc tgc ggg ccg gga gcg gcc ggg tac tgc ttg ctc ctc ggc 165

Ala Ala Ala Cys Gly Pro Gly Ala Ala Gly Tyr Cys Leu Leu Leu Gly

5

10

15

ttg cat ttg ttt ctg ctg acc gcg ggc cct gcc ctg ggc tgg aac gac 213
 Leu His Leu Phe Leu Leu Thr Ala Gly Pro Ala Leu Gly Trp Asn Asp
 20 25 30

cct gac aga atg ttg ctg cgg gat gta aaa gct ctt acc ctc cac tat 261
 Pro Asp Arg Met Leu Leu Arg Asp Val Lys Ala Leu Thr Leu His Tyr
 35 40 45

gac cgc tat acc acc tcc cgc agg ctg gat ccc atc cca cag ttg aaa 309
 Asp Arg Tyr Thr Thr Ser Arg Arg Leu Asp Pro Ile Pro Gln Leu Lys
 50 55 60 65

tgt gtt gga ggc aca gct ggt tgt gat tct tat acc cca aaa gtc ata 357
 Cys Val Gly Gly Thr Ala Gly Cys Asp Ser Tyr Thr Pro Lys Val Ile
 70 75 80

cag tgt cag aac aaa ggc tgg gat ggg tat gat gta cag tgg gaa tgt 405
 Gln Cys Gln Asn Lys Gly Trp Asp Gly Tyr Asp Val Gln Trp Glu Cys
 85 90 95

aag acg gac tta gat att gca tac aaa ttt gga aaa act gtg gtg agc 453
 Lys Thr Asp Leu Asp Ile Ala Tyr Lys Phe Gly Lys Thr Val Val Ser
 100 105 110

tgt gaa ggc tat gag tcc tct gaa gac cag tat gta cta aga ggt tct 501
 Cys Glu Gly Tyr Glu Ser Ser Glu Asp Gln Tyr Val Leu Arg Gly Ser
 115 120 125

tgt ggc ttg gag tat aat tta gat tat aca gaa ctt ggc ctg cag aaa 549

Cys Gly Leu Glu Tyr Asn Leu Asp Tyr Thr Glu Leu Gly Leu Gln Lys
130 135 140 145

ctg aag gag tct gga aag cag cac ggc ttt gcc tct ttc tct gat tat 597
Leu Lys Glu Ser Gly Lys Gln His Gly Phe Ala Ser Phe Ser Asp Tyr
150 155 160

tat tat aag tgg tcc tcg gcg gat tcc tgt aac atg agt gga ttg att 645
Tyr Tyr Lys Trp Ser Ser Ala Asp Ser Cys Asn Met Ser Gly Leu Ile
165 170 175

acc atc gtg gta ctc ctt ggg atc gcc ttt gta gtc tat aag ctg ttc 693
Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu Phe
180 185 190

ctg agt gac ggg cag tat tct cct cca ccg tac tct gag tat cct cca 741
Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro Pro
195 200 205

ttt tcc cac cgt tac cag aga ttc acc aac tca gca gga cct cct ccc 789
Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro Pro
210 215 220 225

cca ggc ttt aag tct gag ttc aca gga cca cag aat act ggc cat ggt 837
Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His Gly
230 235 240

gca act tct ggt ttt ggc agt gct ttt aca gga caa caa gga tat gaa 885
Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr Glu

245

250

255

aat tca gga cca ggg ttc tgg aca ggc ttg gga act ggt gga ata cta 933

Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile Leu

260

265

270

gga tat ttg ttt ggc agc aat aga gcg gca aca ccc ttc tca gac tcg 981

Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp Ser

275

280

285

tgg tac tac ccg tcc tat cct ccc tcc tac cct ggc acg tgg aat agg 1029

Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn Arg

290

295

300

305

gct tac tca ccc ctt cat gga ggc tcg ggc agc tat tcg gta tgt tca 1077

Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys Ser

310

315

320

aac tca gac acg aaa acc aga act gca tca gga tat ggt ggt acc agg 1125

Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr Arg

325

330

335

aga cga taaagtagaa agttggagtc aaacactgga tgcagaaatt ttggattttt 1181

Arg Arg

catcactttc tctttagaaa aaaagtacta cctgttaaca attgggaaaa ggggatattc 1241

aaaagttcgg tgggtgttatg tccagtgtag ctttttgtat tctattattt gaggctaaaa 1301

gttgatgtgt gacaaaatac ttatgtgttg tatgtcagtg taacatgcag atgtatatgtg 1361

cagtttttga aagtgatcat tactgtggaa tgctaaaaat acattaattt ctaaaacctg 1421

tgatgcccta agaagcatta agaatgaagg tgttgtacta atagaaacta agtacagaaa 1481

atttcagttt taggtggttg tagctgatga gttattacct catagagact gtaatattct 1541

atttgggtatt atattatttg atgtttgctg ttcttcaaac atttaaataca agctttggac 1601

taattatgct aatttgtgag ttctgatcac ttttgagctc tgaagctttg aatcattcag 1661

tgggtggagat ggccttctgg taactgaata ttaccttctg taggaaaagg tggaaaataa 1721

gcatctagaa gggtgttgtg aatgactctg tgctggcaaa aatgcttgaa acctctatat 1781

ttctttcggtt cataagaggt aaaggtcaaa tttttcaaca aaagtctttt aataacaaaa 1841

gcatgcagtt ctctgtgaaa tctcaaatat tgttgtaata gtctgtttca atcttaaaaa 1901

gaatcaataa aaacaaacaa ggg 1924

<210> 5

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 5

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe

100

105

110

Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Ser

115

120

125

<210> 6

<211> 702

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(605)

<400> 6

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccggggg aatccgtgcg 60

ggcgtcttcc gtcccgggtcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag ttttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgaggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcaccct 180

aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5 10 15 20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25 30 35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380

Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp

40 45 50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428

Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro

55 60 65

aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476

Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu

70

75

80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524

Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His

85

90

95

100

atg gag atg agt cct tgg ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg 572

Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu

105

110

115

gac att gcc ttc aag cta aac aac caa atc agt taagtgtact ctcctctcat 625

Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Ser

120

125

ccctttcttc cctttgagca ttgccctctt tgggttcttt ttgagccaat tctaataaaa 685

gtaaaaatgg taatagt

702

<210> 7

<211> 233

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe

100

105

110

Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu

115

120

125

Asn Ala Glu Val Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala

130

135

140

Phe Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu

145

150

155

160

Lys Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr

165

170

175

Tyr Glu Cys Asp Val Leu Pro Tyr Ala Gln His Leu His His Tyr Gly

180

185

190

Val Val Leu Glu Glu Asp His His Asp Val Pro Thr Pro Ser Ala Ser

195

200

205

Gly Lys Ser His Leu Cys Pro Trp Asp Phe His Asp Leu Tyr Gln Tyr

210

215

220

Pro Ser Gly Met Val Phe His Arg Val

225

230

<210> 8

<211> 2409

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(923)

<400> 8

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccggggg aatccgtgcg 60

ggcgccttcc gtcccgtcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag ttttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgaggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcaccct 180

aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5 10 15 20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25 30 35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380

Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp

40 45 50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428

Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro

55 60 65

aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476

Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu

70 75 80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524

Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His

85 90 95 100

atg gag atg agt cct tgg ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg 572

Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu

105

110

115

gac att gcc ttc aag cta aac aac caa atc aga gaa aat gca gaa gtc 620

Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu Asn Ala Glu Val

120

125

130

tcc atg gac gtt tcc ctg gct tac cgt gat gac gcg ttt gct gag tgg 668

Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp

135

140

145

act gaa atg gcc cat gaa aga gta cca cgg aaa ctc aaa tgc acc ttc 716

Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe

150

155

160

aca tct ccc aag act cca gag cat gag ggc cgt tac tat gaa tgt gat 764

Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp

165

170

175

180

gtc ctt cct tac gcc cag cat ctt cat cat tat ggt gtg gta ttg gag 812

Val Leu Pro Tyr Ala Gln His Leu His His Tyr Gly Val Val Leu Glu

185

190

195

gag gat cac cat gat gtc ccg acc ccc agt gct tct gga aaa agt cat 860

Glu Asp His His Asp Val Pro Thr Pro Ser Ala Ser Gly Lys Ser His

200

205

210

ctt tgc cct tgg gat ttc cat gac ctt tat caa tat ccc agt gga atg 908

Leu Cys Pro Trp Asp Phe His Asp Leu Tyr Gln Tyr Pro Ser Gly Met

215

220

225

gtt ttc cat cgg gtt tgactggacc tggatgctgc tgtttggtga catccgacag 963

Val Phe His Arg Val

230

ggcatcttct atgcgatgct tctgtccttc tggatcatct tctgtggcga gcacatgatg 1023

gatcagcacg agcggaacca catcgcaggg tattggaagc aagtcggacc cattgccggtt 1083

ggctccttct gcctcttcat atttgacatg tgtgagagag gggtacaact cacgaatccc 1143

ttctacagta tctggactac agacattgga acagagctgg ccatggcctt catcatcgtg 1203

gctggaatct gcctctgcct ctacttcctg tttctatgct tcatggtatt tcaggtgttt 1263

cggaacatca gtgggaagca gtccagcctg ccagctatga gcaaagtccg gcggctacac 1323

tatgaggggc taatttttag gttcaagttc ctcatgctta tcaccttggc ctgcgctgcc 1383

atgactgtca tcttcttcat cgtagtcag gtaacggaag gccattggaa atggggcggc 1443

gtcacagtcc aagtgaacag tgcctttttc acaggcatct atgggatgtg gaatctgtat 1503

gtctttgctc tgatgttctt gtatgcacca tcccataaaa actatggaga agaccagtcc 1563

aatggcgatc tgggtgtcca tagtggggaa gaactccagc tcaccaccac tatcacccat 1623

gtggacggac ccactgagat ctacaagttg acccgcaagg aggcccagga gtaggaggct 1683

gcagcgcccg gctgggacgg tctctccata cccagcccc tctaactaga gtggggagca 1743

tgccagagag agctcaatgt acaaatgaat gcctcatggc tcttagctgt ggtttcttgg 1803

accagcggca tggacatttg tcagtttgcc ttctgacggg agcttttgga ggaagattcc 1863

tgcagccact aatgcattgt gtatgataac aaaaactctg gtatgacaca ttttctgtga 1923

tcattgttaa ttagtgacat agtaacatct gtagcagctg gttagtaaac ctcattgtggg 1983

ggtgggggtgg ggggtgtattc cttgggggat ggtttgggcc gaatggggag tggaatatatt 2043

gacatthttc ctgtthttaa ttctaggata gattthtaaca tcctttgcgg tcccagttcca 2103

aggtaggctg gtgtcatagt cttctcactc ctaatccatg accactgttt ttttcctatt 2163

tatatcacca ggtagcccac tgagttaata ttttaagttgt caatagataa gtgtccctgt 2223

tttgtggcat aatataactg aatttcatga gaagatttat tccaccaggg gtatttcagc 2283

tttgaaacca aatctgtgta tctaatacta accaatctgt tggatgtggg ttttaaaaaa 2343

tgtttgctaa actaccaag taagatttac tgtattaaat ggccttcggg tctgaaaagc 2403

tttttt 2409

<210> 9

<211> 198

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 9

Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser

1

5

10

15

Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser Val Leu Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp

20

25

30

Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp Val Arg Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro

35

40

45

Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His Ile Tyr Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys

50

55

60

Asp Cys Asp Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val Arg Gly Pro

65

70

75

80

Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Arg Cys Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg

85

90

95

Ser Ser Val Thr Ile Lys Val Thr Ile Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu

100

105

110

Gly Leu Leu Leu Leu Tyr Met Val Tyr Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile

115

120

125

Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly His Ala Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp
130 135 140

Asp Ile Gly Asp His Gln Pro Phe Ala Asn Ala His Asp Val Leu Ala
145 150 155 160

Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn Val Leu Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln
165 170 175

Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp
180 185 190

Arg His Val Val Leu Ser
195

<210> 10

<211> 1498

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (86)..(679)

<400> 10

gtgcctgagc ctgagcctga gcctgagccc gagccgggag ccggtcgcgg gggctccggg 60

ctgtgggacc gctgggcccc cagcg atg gcg acc ctg tgg gga ggc ctt ctt 112

Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly Leu Leu

1

5

cgg ctt ggc tcc ttg ctc agc ctg tgc tgc ctg gcg ctt tcc gtg ctg 160
 Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser Val Leu
 10 15 20 25

ctg ctg gcg cag ctg tca gac gcc gcc aag aat ttc gag gat gtc aga 208
 Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp Val Arg
 30 35 40

tgt aaa tgt atc tgc cct ccc tat aaa gaa aat tct ggg cat att tat 256
 Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His Ile Tyr
 45 50 55

aat aag aac ata tct cag aaa gat tgt gat tgc ctt cat gtt gtg gag 304
 Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys Asp Cys Asp Cys Leu His Val Val Glu
 60 65 70

ccc atg cct gtg cgg ggg cct gat gta gaa gca tac tgt cta cgc tgt 352
 Pro Met Pro Val Arg Gly Pro Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Arg Cys
 75 80 85

gaa tgc aaa tat gaa gaa aga agc tct gtc aca atc aag gtt acc att 400
 Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg Ser Ser Val Thr Ile Lys Val Thr Ile
 90 95 100 105

ata att tat ctc tcc att ttg ggc ctt cta ctt ctg tac atg gta tat 448
 Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu Gly Leu Leu Leu Leu Tyr Met Val Tyr
 110 115 120

ctt act ctg gtt gag ccc ata ctg aag agg cgc ctc ttt gga cat gca 496

Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly His Ala

125

130

135

cag ttg ata cag agt gat gat gat att ggg gat cac cag cct ttt gca 544

Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp Asp Ile Gly Asp His Gln Pro Phe Ala

140

145

150

aat gca cac gat gtg cta gcc cgc tcc cgc agt cga gcc aac gtg ctg 592

Asn Ala His Asp Val Leu Ala Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn Val Leu

155

160

165

aac aag gta gaa tat gca cag cag cgc tgg aag ctt caa gtc caa gag 640

Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu

170

175

180

185

cag cga aag tct gtc ttt gac cgg cat gtt gtc ctc agc taattgggaa 689

Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp Arg His Val Val Leu Ser

190

195

ttgaattcaa ggtgactaga aagaaacagg cagacaactg gaaagaactg actgggtttt 749

gctgggtttc attttaatac cttgttgatt tcaccaactg ttgctggaag attcaaaact 809

ggaagcaaaa acttgcttga tttttttttc ttgttaacgt aataatagag acatttttaa 869

aagcacacag ctcaaagtca gccataagt cttttcctat ttgtgacttt tactaataaa 929

aataaatctg cctgtaaatt atcttgaagt cctttacctg gaacaagcac tctctttttc 989

accacatagt ttttaacttga ctttcaagat aattttcagg gtttttggtg ttggtgtttt 1049

ttgtttgttt gttttggtgg gagaggggag ggatgcctgg gaagtggta acaacttttt 1109

tcaagtcact ttactaaaca aacttttgta aatagacctt accttctatt ttcgagtttc 1169

atttatattt tgcagtgtag ccagcctcat caaagagctg acttactcat ttgacttttg 1229

cactgactgt attatctggg tatctgctgt gtctgcactt catggtaaac gggatctaaa 1289

atgcctggtg gcttttcaca aaaagcagat tttcttcatg tactgtgatg tctgatgcaa 1349

tgcacccatg aacaaactgg ccatttgcta gtttactcta aagactaaac atagtcttgg 1409

tgtgtgtggt cttactcatc ttctagtacc ttttaaggaca aatcctaagg acttggacac 1469

ttgcaataaa gaaattttat tttaaaccc 1498

<210> 11

<211> 221

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 11

Met Ala Leu Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ala Val Glu Pro Ala Cys Gly

1

5

10

15

Ser Arg Tyr Gln Gln Leu Gln Asn Glu Glu Glu Ser Gly Glu Pro Glu
20 25 30

Gln Ala Ala Gly Asp Ala Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Ser Ala Glu
35 40 45

Ser Ala Ala Tyr Phe Asp Tyr Lys Asp Glu Ser Gly Phe Pro Lys Pro
50 55 60

Pro Ser Tyr Asn Val Ala Thr Thr Leu Pro Ser Tyr Asp Glu Ala Glu
65 70 75 80

Arg Thr Lys Ala Glu Ala Thr Ile Pro Leu Val Pro Gly Arg Asp Glu
85 90 95

Asp Phe Val Gly Arg Asp Asp Phe Asp Asp Ala Asp Gln Leu Arg Ile
100 105 110

Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Thr Phe Phe Met Ala Phe Leu Phe
115 120 125

Asn Trp Ile Gly Phe Phe Leu Ser Phe Cys Leu Thr Thr Ser Ala Ala
130 135 140

Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Ser Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp
145 150 155 160

Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Thr Tyr Phe Pro Gly Tyr Phe Asp Gly
165 170 175

Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Val Phe Leu Val Leu Gly Phe Leu Leu Phe

180

185

190

Leu Arg Gly Phe Ile Asn Tyr Ala Lys Val Arg Lys Met Pro Glu Thr

195

200

205

Phe Ser Asn Leu Pro Arg Thr Arg Val Leu Phe Ile Tyr

210

215

220

<210> 12

<211> 1864

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (153)..(815)

<400> 12

ctgagaagag cgtctcgccc gggagcggcg gcggccatcg agaccacccc aaggcgcgtc 60

cccctcggcc tcccagcgtt cccaagccgc agcggccgcg ccccttcagc tagctcgctc 120

gctcgctctg cttccctgct gccggctgcg cc atg gcg ttg gcg ttg gcg gcg 173

Met Ala Leu Ala Leu Ala Ala

1

5

ctg gcg gcg gtc gag ccg gcc tgc ggc agc cgg tac cag cag ttg cag 221

Leu Ala Ala Val Glu Pro Ala Cys Gly Ser Arg Tyr Gln Gln Leu Gln
 10 15 20

aat gaa gaa gag tct gga gaa cct gaa cag gct gca ggt gat gct cct 269
 Asn Glu Glu Glu Ser Gly Glu Pro Glu Gln Ala Ala Gly Asp Ala Pro
 25 30 35

cca cct tac agc agc att tct gca gag agc gca gca tat ttt gac tac 317
 Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Ser Ala Glu Ser Ala Ala Tyr Phe Asp Tyr
 40 45 50 55

aag gat gag tct ggg ttt cca aag ccc cca tct tac aat gta gct aca 365
 Lys Asp Glu Ser Gly Phe Pro Lys Pro Pro Ser Tyr Asn Val Ala Thr
 60 65 70

aca ctg ccc agt tat gat gaa gcg gag agg acc aag gct gaa gct act 413
 Thr Leu Pro Ser Tyr Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Ala Glu Ala Thr
 75 80 85

atc cct ttg gtt cct ggg aga gat gag gat ttt gtg ggt cgg gat gat 461
 Ile Pro Leu Val Pro Gly Arg Asp Glu Asp Phe Val Gly Arg Asp Asp
 90 95 100

ttt gat gat gct gac cag ctg agg ata gga aat gat ggg att ttc atg 509
 Phe Asp Asp Ala Asp Gln Leu Arg Ile Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met
 105 110 115

tta act ttt ttc atg gca ttc ctc ttt aac tgg att ggg ttt ttc ctg 557
 Leu Thr Phe Phe Met Ala Phe Leu Phe Asn Trp Ile Gly Phe Phe Leu

120

125

130

135

tct ttt tgc ctg acc act tca gct gca gga agg tat ggg gcc att tca 605

Ser Phe Cys Leu Thr Thr Ser Ala Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Ser

140

145

150

gga ttt ggt ctc tct cta att aaa tgg atc ctg att gtc agg ttt tcc 653

Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser

155

160

165

acc tat ttc cct gga tat ttt gat ggt cag tac tgg ctc tgg tgg gtg 701

Thr Tyr Phe Pro Gly Tyr Phe Asp Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Val

170

175

180

ttc ctt gtt tta ggc ttt ctc ctg ttt ctc aga gga ttt atc aat tat 749

Phe Leu Val Leu Gly Phe Leu Leu Phe Leu Arg Gly Phe Ile Asn Tyr

185

190

195

gca aaa gtt cgg aag atg cca gaa act ttc tca aat ctc ccc agg acc 797

Ala Lys Val Arg Lys Met Pro Glu Thr Phe Ser Asn Leu Pro Arg Thr

200

205

210

215

aga gtt ctc ttt att tat taaagatggt ttctggcaaa ggccttcctg 845

Arg Val Leu Phe Ile Tyr

220

catttatgaa ttctctctca agaagcaaga gaacacctgc aggaagtga tcaagatgca 905

gaacacagag gaataatcac ctgctttaaa aaaataaagt actgttgaaa agatcatttc 965

tctctatttg ttcctaggtg taaaatttta atagttaatg cagaattctg taatcattga 1025

atcattagtg gttaatgttt gaaaaagctc ttgcaatcaa gtctgtgatg tattaataat 1085

gccttatata ttgtttgtag tcattttaag tagcatgagc catgtccctg tagtcggtag 1145

ggggcagtct tgctttattc atcctccatc tcaaaatgaa cttggaatta aatattgtaa 1205

gatatgtata atgctggcca ttttaaaggg gttttctcaa aagttaaact tttgctatga 1265

ctgtgttttt gcacataatc catatttgct gttcaagtta atctagaaat ttattcaatt 1325

ctgtatgaac acctggaagc aaaatcatag tgcaaaaata catttaaggt gtggtcaaaa 1385

ataagtcctt aattggtaaa taataagcat taatttttta tagcctgtat tcacaattct 1445

gcggtacctt attgtacctt agggattcta aagggtgtgt cactgtataa aacagaaagc 1505

actaggatac aatgaagct taattactaa aatgtaattc ttgacactct ttctataatt 1565

agcgttcttc acccccaccc ccacccccac ccccttatt ttccttttgt ctcctgggtga 1625

ttaggccaaa gtctgggagt aaggagagga ttaggtactt aggagcaaag aaagaagtag 1685

cttgggaactt ttgagatgat ccctaacata ctgtactact tgcttttaca atgtgttagc 1745

agaaaccagt gggttataat gtagaatgat gtgctttctg cccaagtggc aattcatctt 1805

ggtttgctat gttaaaactg taaatacaac agaacattaa taaatatctc ttgtgtagc 1864

<210> 13

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 13

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn

1

5

10

15

Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser

20

25

30

Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu

35

40

45

Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val

50

55

60

Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro

65

70

75

80

Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu

85

90

95

Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln

100

105

110

Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala
115 120 125

Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe
130 135 140

Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile
145 150 155 160

Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu
165 170 175

Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr
180 185 190

Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu
195 200 205

Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg
210 215 220

Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe
225 230 235 240

Leu Leu

<210> 14

<211> 2324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(738)

<400> 14

gagccgggca gg atg gat cac cac cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg 51

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val

1

5

10

ctt ctt aat gaa gag gat aac tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca 99

Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro

15

20

25

cct act tca aac cca gca ccg cag att gtg cag gct gcg tct tca gca 147

Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala

30

35

40

45

cca gca ctt gaa act gac tct tcc cct cca cca tat agt agt att act 195

Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr

50

55

60

gtg gaa gta cct aca act tca gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat 243

Val Glu Val Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr

65

70

75

ccc gtg cca cct ccc tat agc gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat 291

Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp
80 85 90

gaa gct gag aag gct aaa gct gct gca atg gca gct gca gca gca gaa 339
Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu
95 100 105

aca tct caa aga att cag gag gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc 387
Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe
110 115 120 125

agt gat gca gac cag ctc aga gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg 435
Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu
130 135 140

gca ttt ttc atg gca ttt att ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc 483
Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser
145 150 155

ttc tgt atc acc aat acc ata gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga 531
Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly
160 165 170

ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat 579
Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp
175 180 185

tat ttt act gga tat ttc aat gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt 627
Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe

190

195

200

205

ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta 675

Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu

210

215

220

aaa gtc aga aac atg tct gaa agt atg gca gct gct cat aga aca agg 723

Lys Val Arg Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg

225

230

235

tat ttc ttc tta ttg tagagactgc atcaaccgga cattcctttc ttataccaat 778

Tyr Phe Phe Leu Leu

240

gtgaaatttc cagatcatct gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa 838

gacaaattag tgaagaaaag acggagtttc gaaattgaat ggcagggtgg tttttgctta 898

caagccattt ctgttcattc ttttaagtatc tatatttcat ttgttttgca catatgcata 958

tgtgcccatt taagatattht gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagttaag 1018

tccagtcaca tttggttaat cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag 1078

tcttccagct tgtaaagcc attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa 1138

ttcttaacca tgtcaaatga tttagtttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac 1198

atgaaacatc ttttggtata tagggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg 1258

atttgtcaga tttttgaaca tgatatattac attattatatt aggaaaactc ttcctgtaaa 1318

taaccatgca taacttactt tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc 1378

actaatttta aattaagtga actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatataca 1438

cacacacata tatatatitta gaaacgtgag tgttaaagat agaatttggt ttaggacaaa 1498

ttttaagaaa atgtgggaat accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttattttaag 1558

ggacatacta gtttttaggga ttttcagatg ggaagctgca ttttttaggat tgcccatcct 1618

aagagatcct gcaggaagag attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt 1678

tcaaagttaa ttttctaaat aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat 1738

aaaatatcct tcagtatcat tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa 1798

ataaaatcct gtactatgaa tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa 1858

acatatcctg aactgagata tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg 1918

gcatatagga ctgtggggtc tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg 1978

aatttaattt acattcataa actactatat ttcccatcct gcaaatacatt ttatgtctca 2038

tctgtttttc ctttcgggta tatctttggt tttgaatacc aacatttaaa atgatggtat 2098

tttatctttt aaacttaaaa attatttaac acagctatat ggaccttata aaattgattt 2158

cttatttatt attagacatt actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc 2218

catttccaaa aaataaaatt tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt 2278

cattgtcttt gataaataaa acagttttgt ttgctaata tagcct 2324

<210> 15

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 15

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn

1 5 10 15

Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser

20 25 30

Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu

35 40 45

Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val

50 55 60

Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro

65 70 75 80

Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu
85 90 95

Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln
100 105 110

Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala
115 120 125

Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe
130 135 140

Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile
145 150 155 160

Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu
165 170 175

Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr
180 185 190

Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu
195 200 205

Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg
210 215 220

Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe
225 230 235 240

Leu Leu

<210> 16

<211> 2324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(738)

<400> 16

gagccgggca gg atg gat cac cac cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg 51

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val

1

5

10

ctt ctt aat gaa gag gat aac tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca 99

Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro

15

20

25

cct act tca aac cca gca ccg cag att gtg cag gct gtg tct tca gca 147

Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala

30

35

40

45

cca gca ctt gaa act gac tct tcc cct cca cca tat agt agt att act 195

Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr

50

55

60

gtg gaa gta cct aca act tca gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat 243

Val Glu Val Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr

65

70

75

ccc gtg cca cct ccc tat agc gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat 291

Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp

80

85

90

gaa gct gag aag gct aaa gct gct gca atg gca gct gca gca gca gaa 339

Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu

95

100

105

aca tct caa aga att cag gag gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc 387

Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe

110

115

120

125

agt gat gca gac cag ctc aga gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg 435

Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu

130

135

140

gca ttt ttc atg gca ttt att ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc 483

Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser

145

150

155

ttc tgt atc acc aat acc ata gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga 531

Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly

160

165

170

ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat 579
Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp
175 180 185

tat ttt act gga tat ttc aat gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt 627
Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe
190 195 200 205

ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta 675
Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu
210 215 220

aaa gtc aga aac atg tct gaa agt atg gca gct gct cat aga aca agg 723
Lys Val Arg Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg
225 230 235

tat ttc ttc tta ttg tagagactgc atcaacccga cattcctttc ttataccaat 778
Tyr Phe Phe Leu Leu
240

gtgaaatttc cagatcatct gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa 838

gacaaattag tgaagaaaag acggagtttc gaaattgaat ggcagggtgg tttttgctta 898

caagccattht ctgttcattc ttttaagtatc tatatttcat ttgttttgca catatgcata 958

tgtgcccatt taagatattht gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagtttaag 1018

tccagtcaca tttggttaat cagtgtttga tataattgaa agagtttgagt ggataaacag 1078

tcttccagct tgtaaagcc attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa 1138

ttcttaacca tgtcaaatga tttagtttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac 1198

atgaaacatc ttttggtata tagggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg 1258

attgtcaga tttttgaaca tgatatattac attattatatt aggaaaactc ttcctgtaaa 1318

taaccatgca taacttactt tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc 1378

actaatttta aattaagtga actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatatata 1438

cacacacata tatatatitta gaaacgtgag tgttaaagat agaatttggt ttaggacaaa 1498

ttttaagaaa atgtgggaat accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttattttaag 1558

ggacatacta gttttaggga ttttcagatg ggaagctgca tttttaggat tgcccatctt 1618

aagagatctt gcaggaagag attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt 1678

tcaaagttaa ttttctaaat aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat 1738

aaaatatctt tcagtatcat tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa 1798

ataaaatctt gtactatgaa tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa 1858

acatatcctg aactgagata tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg 1918

gcatatagga ctgtggggtc tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg 1978

aatttaattt acattcataa actactatat ttcccatctt gcaaactcatt ttatgtctca 2038

tctgtttttc ctttcgggta tatcttttgg tttgaatacc aacatttaaa atgatggtat 2098

tttatctttt aaacttaaaa attatttaac acagctatat ggaccttata aaattgattt 2158

cttatttatt attagacatt actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc 2218

catttccaaa aaataaaaatt tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt 2278

cattgtcttt gataaataaa acagttttgt tttgctaata tagcct 2324

<210> 17

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

Met Ala Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met

1 5 10 15

Leu Asn Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr

20 25 30

Asn Ala Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu

35 40 45

Leu Pro Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro
50 55 60

Ala Ala Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly
65 70 75 80

Glu Asp Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp
85 90 95

His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu
100 105 110

Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro
115 120 125

Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr
130 135 140

Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr
145 150 155 160

Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro
165 170 175

Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala
180 185 190

Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile
195 200 205

Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln
210 215 220

Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala
225 230 235 240

Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn
245 250 255

Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu
260 265 270

Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr
275 280 285

Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu
290 295 300

Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met
305 310 315 320

Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu
325 330 335

<210> 18

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (53)..(1060)

<400> 18

cttacttttc catctcctcc caccagcta taccctccca ctggcggcgc gg atg gca 58

Met Ala

1

cgc cgg cgg agc cag cga gtc tgc gcg agc ggt ccg agc atg ctc aat 106

Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met Leu Asn

5

10

15

agc gcg cgc ggc gcc ccg gag ctt ctc cgc gga acc gcg acc aac gcg 154

Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr Asn Ala

20

25

30

gag gtc tcg gcg gcc gct gcg gga gcc aca gga agt gaa gag ctt ccg 202

Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu Leu Pro

35

40

45

50

ccg gga gac cgc ggc tgc agg aac gga ggc gga agg ggc cct gcg gcg 250

Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro Ala Ala

55

60

65

acg acg tcg tcg acg ggg gtg gcc gtg gga gct gag cac gga gaa gac 298

Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly Glu Asp

70

75

80

tcc ctc tct cgg aag ccg gat ccc gag ccg ggc agg atg gat cac cac 346

Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp His His

85

90

95

cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg ctt ctt aat gaa gag gat aac 394

Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn

100

105

110

tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca cct act tca aac cca gca ccg 442

Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro

115

120

125

130

cag att gtg cag gct gtg tct tca gca cca gca ctt gaa act gac tct 490

Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser

135

140

145

tcc cct cca cca tat agt agt att act gtg gaa gta cct aca act tca 538

Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr Thr Ser

150

155

160

gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat ccc gtg cca cct ccc tat agc 586

Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser

165

170

175

gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat gaa gct gag aag gct aaa gct 634

Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala

180

185

190

gct gca atg gca gct gca gca gca gaa aca tct caa aga att cag gag 682
 Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu
 195 200 205 210

gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc agt gat gca gac cag ctc aga 730
 Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg
 215 220 225

gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg gca ttt ttc atg gca ttt att 778
 Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile
 230 235 240

ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc ttc tgt atc acc aat acc ata 826
 Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile
 245 250 255

gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa 874
 Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys
 260 265 270

tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat tat ttt act gga tat ttc aat 922
 Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn
 275 280 285 290

gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt 970
 Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu
 295 300 305

ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta aaa gtc aga aac atg tct gaa 1018

Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met Ser Glu

310

315

320

agt atg gca gct gct cat aga aca agg tat ttc ttc tta ttg 1060

Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325

330

335

tagagactgc atcaaccga cattcctttc ttataccaat gtgaaatttc cagatcatct 1120

gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa gacaaattag tgaagaaaag 1180

acggagtttc gaaattgaat ggcaggggtgg tttttgctta caagccattt ctgttcattc 1240

tttaagtatc tatatttcat ttgttttgca catatgcata tgtgcccatt taagatatatt 1300

gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagtttaag tccagtcaca tttggttaat 1360

cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag tcttccagct tgtaaagccc 1420

attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa ttcttaacca tgtcaaatga 1480

tttagtttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac atgaaacatc ttttgttata 1540

taaggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg atttgtcaga tttttgaaca 1600

tgatatttac attattattt aggaaaactc ttctgtaaa taaccatgca taacttactt 1660

tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc actaatttta aattaagtga 1720

actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatatata cacacacata tatatatatta 1780

gaaacgtgag tgtaaagat agaatttggt ttaggacaaa ttttaagaaa atgtgggaat 1840

accaaattgc ctttataaga aaaataaatt ttgttttaag ggacatacca gttttaggga 1900

ttttcagatg ggaagctgca tttttaggat tgcccatctt aagagatctt gcaggaagag 1960

attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt tcaaagttaa ttttctaaat 2020

aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat aaaatatctt tcagtatcat 2080

tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa ataaaatctt gtactatgaa 2140

tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa acatatcctg aactgagata 2200

tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg gcatatagga ctgtgggggc 2260

tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg aatttaattt acattcataa 2320

actactatat ttcccatctt gcaaatcatt ttatgtctca tctgtttttc ctttcggtta 2380

tatctttggt ttgaataacc aacatttaaa atgatggtat tttatctttt aaacttaaaa 2440

attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt cttatttatt attagacatt 2500

actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc catttccaaa aaataaaaatt 2560

tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt cattgtcttt gataaataaa 2620

acagttttgt tttgct

2636

<210> 19

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 19

Met Ala Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met

1

5

10

15

Leu Asn Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr

20

25

30

Asn Ala Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu

35

40

45

Leu Pro Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro

50

55

60

Ala Ala Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly

65

70

75

80

Glu Asp Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp

85

90

95

His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu

100

105

110

Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro
115 120 125

Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr
130 135 140

Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr
145 150 155 160

Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro
165 170 175

Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala
180 185 190

Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile
195 200 205

Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln
210 215 220

Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala
225 230 235 240

Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn
245 250 255

Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu

260

265

270

Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr

275

280

285

Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu

290

295

300

Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met

305

310

315

320

Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325

330

335

<210> 20

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (53)..(1060)

<400> 20

cttacttttc catctcctcc caccagcta taccctccca ctggcggcgc gg atg gca 58

Met Ala

1

cgc cgg cgg agc cag cga gtc tgc gcg agc ggt ccg agc atg ctc aat 106

Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met Leu Asn

5

10

15

agc gcg cgc ggc gcc ccg gag ctt ctc cgc gga acc gcg acc aac gcg 154

Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr Asn Ala

20

25

30

gag gtc tcg gcg gcc gct gcg gga gcc aca gga agt gaa gag ctt ccg 202

Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu Leu Pro

35

40

45

50

ccg gga gac cgc ggc tgc agg aac gga ggc gga agg ggc cct gcg gcg 250

Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro Ala Ala

55

60

65

acg acg tcg tcg acg ggg gtg gcc gtg gga gct gag cac gga gaa gac 298

Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly Glu Asp

70

75

80

tcc ctc tct cgg aag ccg gat ccc gag ccg ggc agg atg gat cac cac 346

Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp His His

85

90

95

cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg ctt ctt aat gaa gag gat aac 394

Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn

100

105

110

tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca cct act tca aac cca gca ccg 442

Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro

115	120	125	130	
cag att gtg cag gct gcg tct tca gca cca gca ctt gaa act gac tct	490			
Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser				
135	140	145		
tcc cct cca cca tat agt agt att act gtg gaa gta cct aca act tca	538			
Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr Thr Ser				
150	155	160		
gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat ccc gtg cca cct ccc tat agc	586			
Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser				
165	170	175		
gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat gaa gct gag aag gct aaa gct	634			
Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala				
180	185	190		
gct gca atg gca gct gca gca gca gaa aca tct caa aga att cag gag	682			
Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu				
195	200	205	210	
gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc agt gat gca gac cag ctc aga	730			
Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg				
215	220	225		
gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg gca ttt ttc atg gca ttt att	778			
Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile				
230	235	240		

ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc ttc tgt atc acc aat acc ata 826

Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile

245

250

255

gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa 874

Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys

260

265

270

tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat tat ttt act gga tat ttc aat 922

Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn

275

280

285

290

gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt 970

Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu

295

300

305

ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta aaa gtc aga aac atg tct gaa 1018

Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met Ser Glu

310

315

320

agt atg gca gct gct cat aga aca agg tat ttc ttc tta ttg 1060

Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325

330

335

tagagactgc atcaaccgga cattcctttc ttataccaat gtgaaatttc cagatcatct 1120

gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa gacaaattag tgaagaaaag 1180

acggagtttc gaaattgaat ggcaggggtgg tttttgctta caagccattt ctgttcattc 1240

tttaagtatc tatatttcat ttgttttgca catatgcata tgtgcccatt taagatattt 1300

gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagtttaag tccagtcaca tttggttaat 1360

cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag tcttccagct tgtaaatgcc 1420

attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa ttcttaacca tgtcaaatga 1480

tttagtttct ggctcttaga ctcactggc agttctacac atgaaacatc ttttgttata 1540

taaggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg atttgtcaga tttttgaaca 1600

tgatatttac attattattt aggaaaactc ttcctgtaaa taaccatgca taacttactt 1660

tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc actaatttta aattaagtga 1720

actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatataca cacacacata tatatattta 1780

gaaacgtgag tgttaaagat agaatttggt ttaggacaaa ttttaagaaa atgtgggaat 1840

accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttgttttaag ggacatacca gttttaggga 1900

ttttcagatg ggaagctgca tttttaggat tgcccatctt aagagatctt gcaggaagag 1960

attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt tcaaagttaa ttttctaaat 2020

aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat aaaatatctt tcagtatcat 2080

tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa ataaaatctt gtactatgaa 2140

tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa acatatacctg aactgagata 2200

tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg gcatatagga ctgtggggtc 2260

tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg aatttaattt acattcataa 2320

actactatat ttcccatctt gcaaatacatt ttatgtctca tctgtttttc ctttcgggta 2380

tatcttttgt tttgaatacc aacatttaaa atgatggat tttatctttt aaacttaaaa 2440

attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt cttatttatt attagacatt 2500

actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc catttccaaa aaataaaatt 2560

tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt cattgtcttt gataaataaa 2620

acagttttgt tttgct 2636

<210> 21

<211> 76

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 21

Met Val Cys Ile Pro Cys Ile Val Ile Pro Val Leu Leu Trp Ile Tyr

1

5

10

15

Lys Lys Phe Leu Glu Pro Tyr Ile Tyr Pro Leu Val Ser Pro Phe Val

20

25

30

Ser Arg Ile Trp Pro Lys Lys Ala Ile Gln Glu Ser Asn Asp Thr Asn

35

40

45

Lys Gly Lys Val Asn Phe Lys Gly Ala Asp Met Asn Gly Leu Pro Thr

50

55

60

Lys Gly Pro Thr Glu Ile Cys Asp Lys Lys Lys Asp

65

70

75

<210> 22

<211> 1085

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (176)..(403)

<400> 22

gggctagcgg cctgggttgg gctttgtagc tgctccgcag gccagcccg ggccgcgctc 60

gcagagtcct aggcggtgcg cggcctcctg cctcctccct cctcggcggt cgcggcccgc 120

cggcctccgc ggtgcctgcc ttcgctctca gggtgaggag ctcaagcttg ggaaa atg 178

Met

gtg tgc att cct tgt atc gtc att cca gtt ctg ctc tgg atc tac aaa 226
Val Cys Ile Pro Cys Ile Val Ile Pro Val Leu Leu Trp Ile Tyr Lys
5 10 15

aaa ttc ctg gag cca tat ata tac cct ctg gtt tcc ccc ttc gtt agt 274
Lys Phe Leu Glu Pro Tyr Ile Tyr Pro Leu Val Ser Pro Phe Val Ser
20 25 30

cgt ata tgg cct aag aaa gca ata caa gaa tcc aat gat aca aac aaa 322
Arg Ile Trp Pro Lys Lys Ala Ile Gln Glu Ser Asn Asp Thr Asn Lys
35 40 45

ggc aaa gta aac ttt aag ggt gca gac atg aat gga tta cca aca aaa 370
Gly Lys Val Asn Phe Lys Gly Ala Asp Met Asn Gly Leu Pro Thr Lys
50 55 60 65

gga cca aca gaa atc tgt gat aaa aag aaa gac taaagaaatt ttcctaaagg 423
Gly Pro Thr Glu Ile Cys Asp Lys Lys Lys Asp
70 75

accccatcat ttaaaaaatg gacctgataa tatgaagcat cttccttgta attgtctctg 483

acctttttat ctgagaccgg aattcaggat aggagtctag atatttacct gatactaatac 543

aggaaatata tgatatccgt atttaaaatg tagtttagtta tatttaaatga cctcattcct 603

aagttccttt ttcgttaatg tagctttcat ttctgttatt gctgtttgaa taatatgatt 663

aaatagaagg tttgtgccag tagacattat gttactaaat cagcacttta aaatctttgg 723

ttctctaatt catatgaatt tgctgtttgc tctaatttct ttgggctctt ctaatttgag 783

tggagtacaa ttttgttgtg aaacagtcca gtgaaactgt gcagggaat gaaggtagaa 843

ttttgggagg taataatgat gtgaaacata aagatttaat aattactgtc caacacagtg 903

gagcagcttg tccacaaata tagtaattac tattttattgc tctaaggaag attaaaaaaaa 963

gatagggaaa aggggggaaac ttctttgaaa aatgaaacat ctgttacatt aatgtctaata 1023

tataaaattt taatccttac tgcatttctt ctgttcctac aaatgtatta aacattcagt 1083

tt 1085

<210> 23

<211> 84

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 23

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu

1

5

10

15

Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val

20

25

30

Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile
 35 40 45

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Phe Tyr Trp
 50 55 60

Met Arg Val Ile Leu Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu His Ser
 65 70 75 80

Leu Ser Gly Leu

<210> 24

<211> 1593

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (65)..(316)

<400> 24

agcgctgcct cacgcggagc agagctgagc tgaagcggga cccggagccc gagcagccgc 60

cgcc atg gca atc aaa ttt ctg gaa gtc atc aag ccc ttc tgt gtc atc 109

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile

1 5 10 15

ctg ccg gaa att cag aag cca gag agg aag att cag ttt aag gag aaa 157

Leu Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys

20

25

30

gtg ctg tgg acc gct atc acc ctc ttt atc ttc tta gtg tgc tgc cag 205

Val Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln

35

40

45

att ccc ctg ttt ggg atc atg tct tca gat tca gct gac cct ttc tat 253

Ile Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Phe Tyr

50

55

60

tgg atg aga gtg att cta gcc tct aac aga ggc aca ttg atg gag cac 301

Trp Met Arg Val Ile Leu Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu His

65

70

75

tct ctc tct ggc ctt tagggagtcc cctcttagga caggcactgc ccagcagcaa 356

Ser Leu Ser Gly Leu

80

gggcagcaga gttgggtgct aagatcctga ggagctcgag gtttcgagct ggctttagac 416

attggtggga ccaaggatgt tttgcaggat gccctgatcc taagaagggg gcctgggggt 476

gcgtgcagcc tgtcggggag accccactct gtgcacctat tggctcttct agctgactct 536

tctcgttggg cttagagtct gcctgtttct gctagctccg tgtttagtcc acttgggtca 596

tcagctctgc caagctgagc ctggccaagc taggtggaca gacccttgca gtgatgtccg 656

tttgtccaga ttctgccagt catcactgga cacgtctcct cgcagctgcc ctagcaaggg 716
 gagacattgt ggtagctatc agacatggac agaaactgac ttagtgctca caagccccta 776
 caccttctgg gctgaagatc acccagctgt gttcagaatt ttcttactgt gcttaggact 836
 gcacgcaagt gagcagacac caccgacttc ctttctgcgt caccagtgtc gtcagcagag 896
 agaggacagc acaggctcaa ggttggtagt gaagtcaggt tcgggggtgca tgggctgtgg 956
 tggtggtgat cagttgctcc agtgtttgaa ataagaagac tcatgtttat gtctggaata 1016
 agttctgttt gtgctgacag gtgaccttgc tggcagtgtc agccaggaaa cagagtgacc 1076
 aagggacaag aagggacttg cctaaagcca cccagcaact cagcagcaga accaagatgg 1136
 gccccaggct cctccatatg gcccagggtc taccacccta tcacacgtgg cettgtctag 1196
 acccagtcct gagcagggga gaggctcttg agacctgatg ccctcctacc cacatggttc 1256
 tcccactgcc ctgtctgctc tgctgctaca gaggggcagg gcctccccca gccacgctt 1316
 aggaatgctt ggcctctggc aggcaggcag ctgtacccaa gctgggtgggc agggggctgg 1376
 aaggcaccag gcctcaggag gagccccata gtcccgctg cagcctgtaa ccatcggtg 1436
 ggccctgcaa ggcccacact cacgccctgt gggatgatgt cacggtgggt ggggtgggggc 1496
 tgaccccagc ttccagggga ctgtcactgt ggacgcaaaa atggcataac tgagataagg 1556

tgaataagtg acaaataaag ccagttttttt acaaggt

1593

<210> 25

<211> 179

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 25

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu

1

5

10

15

Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val

20

25

30

Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile

35

40

45

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Val His Ala

50

55

60

Val Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys

65

70

75

80

Thr Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln

85

90

95

Leu Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His Arg Glu Thr Ser Met

100

105

110

Val His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly

115

120

125

Leu Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile

130

135

140

Gly Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr

145

150

155

160

Phe Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Ser Glu Val Gly Ser Met Gly Ala

165

170

175

Leu Leu Phe

<210> 26

<211> 1820

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (114)..(650)

<400> 26

gtgtctctcg gcggagctgc tgtgcagtgg aacgcgctgg gccgcgggca gcgtcacctc 60

acgcggagca gagctgagct gaagcgggac ccggagcccg agcagccgcc gcc atg 116

Met

1

gca atc aaa ttt ctg gaa gtc atc aag ccc ttc tgt gtc atc ctg ccg 164

Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu Pro

5

10

15

gaa att cag aag cca gag agg aag att cag ttt aag gag aaa gtg ctg 212

Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val Leu

20

25

30

tgg acc gct atc acc ctc ttt atc ttc tta gtg tgc tgc cag att ccc 260

Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile Pro

35

40

45

ctg ttt ggg atc atg tct tca gat tca gct gac ccg gtc cat gca gtt 308

Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Val His Ala Val

50

55

60

65

gta tac ata gtg ttc atg ctg ggc tcc tgt gca ttc ttc tcc aaa acg 356

Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys Thr

70

75

80

tgg att gag gtc tca ggt tcc tct gcc aaa gat gtt gca aag cag ctg 404

Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln Leu

85

90

95

aag gag cag cag atg gtg atg aga ggc cac cga gag acc tcc atg gtc 452

Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His Arg Glu Thr Ser Met Val

100

105

110

cat gaa ctc aac cgg tac atc ccc aca gcc gcg gcc ttt ggt ggg ctg 500

His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly Leu

115

120

125

tgc atc ggg gcc ctc tcg gtc ctg gct gac ttc cta ggc gcc att ggg 548

Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile Gly

130

135

140

145

tct gga acc ggg atc ctg ctc gca gtc aca atc atc tac cag tac ttt 596

Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr Phe

150

155

160

gag atc ttc gtt aag gag caa agc gag gtt ggc agc atg ggg gcc ctg 644

Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Ser Glu Val Gly Ser Met Gly Ala Leu

165

170

175

ctc ttc tgagcccgtc tcccggacag gttgaggaag ctgctccaga agcgcctcgg 700

Leu Phe

aaggggagct ctcatcatgg cgcgtgctgc tgcggcatat ggacttttaa taatgttttt 760

gaatttcgta ttctttcatt ccactgtgta aagtgctaga cattttccaa tttaaaattt 820

tgctttttat cctggcactg gcaaaaagaa ctgtgaaagt gaatttattc agccgactgc 880

cagagaagtg ggaatggtat aggattgtcc ccaagtgtcc atgtaacttt tgttttaacc 940

ttgacacctt ctcagtgtg tatgcggctg cagccgtctc acctgtttcc ccacaaaggg 1000
 aatttctcac tctggttgga agcacaaaca ctgaaatgtc tacgtttcat tttggcagta 1060
 ggggtgtgaag ctgggagcag atcatgtatt tcccggagac atgggacctt gctggcatgt 1120
 ctcttcaca atcaggcgtg ggaatatctg gcttaggact gtttctctct aagacaccat 1180
 tgttttccct tattttaaaa gtgatttttt taaggacaga acttcttcca aaagagaggg 1240
 atggctttcc cagaagacac tctggagacc ttgctggcag tgctagccag gaaacagagt 1300
 gaccaaggga caagaaggga cttgcctaaa gccacccagc aactcagcag cagaaccaag 1360
 atgggccccca ggctcctcca tatggcccag ggcttaccac cctatcacac gtggccttgt 1420
 ctagaccag tcctgagcag gggagaggct cttgagacct gatgccctcc taccacatg 1480
 gttctccac tgccctgtct gctctgctgc tacaragggg cagggcctcc cccagccac 1540
 gcttaggaat gcttggcctc tggcaggcag gcagctgtac ccaagctggt gggcaggggg 1600
 ctggaaggca ccaggcctca ggaggagccc catagtcccg cctgcagcct gtaaccatcg 1660
 gctgggccct gcaaggccca cactcacgcc ctgtgggtga tggtcacggt ggggtgggtgg 1720
 gggctgacct cagcttccag gggactgtca ctgtggacgc caaatggca taactsasat 1780
 aaggtgaata agtgacaaat aaagccagtt ttttacaagg 1820

<210> 27

<211> 279

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 27

Met	Glu	Ala	Val	Val	Asn	Leu	Tyr	Gln	Glu	Val	Met	Lys	His	Ala	Asp
1				5					10					15	

Pro	Arg	Ile	Gln	Gly	Tyr	Pro	Leu	Met	Gly	Ser	Pro	Leu	Leu	Met	Thr
			20					25						30	

Ser	Ile	Leu	Leu	Thr	Tyr	Val	Tyr	Phe	Val	Leu	Ser	Leu	Gly	Pro	Arg
		35						40					45		

Ile	Met	Ala	Asn	Arg	Lys	Pro	Phe	Gln	Leu	Arg	Gly	Phe	Met	Ile	Val
	50					55					60				

Tyr	Asn	Phe	Ser	Leu	Val	Ala	Leu	Ser	Leu	Tyr	Ile	Val	Tyr	Glu	Phe
65					70					75				80	

Leu	Met	Ser	Gly	Trp	Leu	Ser	Thr	Tyr	Thr	Trp	Arg	Cys	Asp	Pro	Val
				85					90					95	

Asp	Tyr	Ser	Asn	Ser	Pro	Glu	Ala	Leu	Arg	Met	Val	Arg	Val	Ala	Trp
					100				105					110	

Leu	Phe	Leu	Phe	Ser	Lys	Phe	Ile	Glu	Leu	Met	Asp	Thr	Val	Ile	Phe
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

115

120

125

Ile Leu Arg Lys Lys Asp Gly Gln Val Thr Phe Leu His Val Phe His

130

135

140

His Ser Val Leu Pro Trp Ser Trp Trp Trp Gly Val Lys Ile Ala Pro

145

150

155

160

Gly Gly Met Gly Ser Phe His Ala Met Ile Asn Ser Ser Val His Val

165

170

175

Ile Met Tyr Leu Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Pro Val Ala Gln

180

185

190

Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys His Met Thr Ala Ile Gln Leu Ile Gln

195

200

205

Phe Val Leu Val Ser Leu His Ile Ser Gln Tyr Tyr Phe Met Ser Ser

210

215

220

Cys Asn Tyr Gln Tyr Pro Val Ile Ile His Leu Ile Trp Met Tyr Gly

225

230

235

240

Thr Ile Phe Phe Met Leu Phe Ser Asn Phe Trp Tyr His Ser Tyr Thr

245

250

255

Lys Gly Lys Arg Leu Pro Arg Ala Leu Gln Gln Asn Gly Ala Pro Gly

260

265

270

Ile Ala Lys Val Lys Ala Asn

275

<210> 28

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(955)

<400> 28

gcccagcaga tgaggaagtg gcaggcaggc aggctggccc cggggacttc tctctggccc 60

tgctccctcc gagcgctccg ccgttgcccc cctggcccct acggagtcct tagccagg 118

atg gag gct gtt gtg aac ttg tac caa gag gtg atg aag cac gca gat 166

Met Glu Ala Val Val Asn Leu Tyr Gln Glu Val Met Lys His Ala Asp

1 5 10 15

ccc cgg atc cag ggc tac cct ctg atg ggg tcc ccc ttg cta atg acc 214

Pro Arg Ile Gln Gly Tyr Pro Leu Met Gly Ser Pro Leu Leu Met Thr

20 25 30

tcc att ctc ctg acc tac gtg tac ttc gtt ctc tca ctt ggg cct cgc 262

Ser Ile Leu Leu Thr Tyr Val Tyr Phe Val Leu Ser Leu Gly Pro Arg

35 40 45

atc atg gct aat cgg aag ccc ttc cag ctc cgt ggc ttc atg att gtc 310

Ile Met Ala Asn Arg Lys Pro Phe Gln Leu Arg Gly Phe Met Ile Val

50

55

60

tac aac ttc tca ctg gtg gca ctc tcc ctc tac att gtc tat gag ttc 358

Tyr Asn Phe Ser Leu Val Ala Leu Ser Leu Tyr Ile Val Tyr Glu Phe

65

70

75

80

ctg atg tcg ggc tgg ctg agc acc tat acc tgg cgc tgt gac cct gtg 406

Leu Met Ser Gly Trp Leu Ser Thr Tyr Thr Trp Arg Cys Asp Pro Val

85

90

95

gac tat tcc aac agc cct gag gca ctt agg atg gtt cgg gtg gcc tgg 454

Asp Tyr Ser Asn Ser Pro Glu Ala Leu Arg Met Val Arg Val Ala Trp

100

105

110

ctc ttc ctc ttc tcc aag ttc att gag ctg atg gac aca gtg atc ttt 502

Leu Phe Leu Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu Met Asp Thr Val Ile Phe

115

120

125

att ctc cga aag aaa gac ggg cag gtg acc ttc cta cat gtc ttc cat 550

Ile Leu Arg Lys Lys Asp Gly Gln Val Thr Phe Leu His Val Phe His

130

135

140

cac tct gtg ctt ccc tgg agc tgg tgg tgg ggg gta aag att gcc ccg 598

His Ser Val Leu Pro Trp Ser Trp Trp Trp Gly Val Lys Ile Ala Pro

145

150

155

160

gga gga atg ggc tct ttc cat gcc atg ata aac tct tcc gtg cat gtc 646

Gly Gly Met Gly Ser Phe His Ala Met Ile Asn Ser Ser Val His Val

165 170 175

ata atg tac ctg tac tac gga tta tct gcc ttt ggc cct gtg gca caa 694

Ile Met Tyr Leu Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Pro Val Ala Gln

180 185 190

ccc tac ctt tgg tgg aaa aag cac atg aca gcc att cag ctg atc cag 742

Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys His Met Thr Ala Ile Gln Leu Ile Gln

195 200 205

ttt gtc ctg gtc tca ctg cac atc tcc cag tac tac ttt atg tcc agc 790

Phe Val Leu Val Ser Leu His Ile Ser Gln Tyr Tyr Phe Met Ser Ser

210 215 220

tgt aac tac cag tac cca gtc att att cac ctc atc tgg atg tat ggc 838

Cys Asn Tyr Gln Tyr Pro Val Ile Ile His Leu Ile Trp Met Tyr Gly

225 230 235 240

acc atc ttc ttc atg ctg ttc tcc aac ttc tgg tat cac tct tat acc 886

Thr Ile Phe Phe Met Leu Phe Ser Asn Phe Trp Tyr His Ser Tyr Thr

245 250 255

aag ggc aag cgg ctg ccc cgt gca ctt cag caa aat gga gct cca ggt 934

Lys Gly Lys Arg Leu Pro Arg Ala Leu Gln Gln Asn Gly Ala Pro Gly

260 265 270

att gcc aag gtc aag gcc aac tgagaagcat ggcctagata ggcgccacc 985

Ile Ala Lys Val Lys Ala Asn

275

taagtcctc aggactgcac cttagggcag tgtccgtcag tgccctctcc acctacacct 1045

gtgaccaagg cttatgtggt caggactgag caggggactg gccctcccct cccacagct 1105

gctctacagg gaccacggct ttggttcctc acccacttcc cccgggcagc tccagggatg 1165

tggcctcatt gctgtctgcc actccagagc tgggggctaa aagggtgta cagttatttc 1225

cccctccctg ccttaaaact tgggagagga gcactcaggg ctggccccac aaagggtctc 1285

gtggcctttt tctcacaca gaagaggta gcaataatgt cactgtggac ccagtctcac 1345

tcctccacc caccactga agcagtagct tctgggcaa aggtcagggt gggcgggggc 1405

ctgggaatac agcctgtgga ggctgcttac tcaacttgtg tcttaattaa aagtgacaga 1465

ggaaacc 1472

<210> 29

<211> 137

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 29

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1

5

10

15

Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu
20 25 30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser
35 40 45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro
50 55 60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln
65 70 75 80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr
85 90 95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly
100 105 110

Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala
115 120 125

Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu
130 135

<210> 30

<211> 1788

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (145)..(555)

<400> 30

gtgcttcctg tggctgacgt catctggagg agatttgctt tctttttctc caaaaggga 60

ggaaattgaa actgagtggc ccacgatggg aagaggggaa agcccagggg tacaggaggc 120

ctctgggtga aggcagaggc taac atg ggg ttc gga gcg acc ttg gcc gtt 171

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val

1

5

ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc gtc act atc atc atc tgc ttc 219

Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe

10

15

20

25

acc tgc tcc tgc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga cca cgt ccg 267

Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro

30

35

40

gtt gtc acc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc cct tat cct 315

Val Val Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro

45

50

55

cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc tac cag ggc 363

Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly

60

65

70

tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca ccc tac cca 411
Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro
75 80 85

atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc cca ccg gcc 459
Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala
90 95 100 105

tac cac gag acc ctg gct gga gga gca gcc gcg ccc tac ccc gcc agc 507
Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser
110 115 120

cag cct cct tac aac ccg gcc tac atg gat gcc ccg aag gcg gcc ctc 555
Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu
125 130 135

tgagcattcc ctggcctctc tggctgccac ttggttatgt tgtgtgtgtg cgtgagtgtg 615

gtgcaggcgc ggttccttac gcccattgtg tgctgtgtgt gtccaggcac ggttccttac 675

gcccattgtg tgctgtgtgt gtcctgcctg tataatgtggc ttcctctgat gctgacaagg 735

tggggaacaa tccttgccag agtgggctgg gaccagactt tgttctcttc ctcacctgaa 795

attatgcttc ctaaaatctc aagccaaact caaagaatgg ggtggtgggg ggcaccctgt 855

gaggtggccc ctgagaggtg ggggcctctc cagggcacat ctggagtctt tctccagctt 915

accctagggt gaccaagtag ggcctgtcac accagggtgg cgcagctttc tgtgtgatgc 975

agatgtgtcc tggtttcggc agcgtagcca gctgctgctt gaggccatgg ctctgtccccg 1035

gagttggggg taccggttgc agagccaggg acatgatgca ggcgaagctt gggatctggc 1095

caagttggac ttgatcctt tgggcagatg tccattgct ccctggagcc tgtcatgcct 1155

gttggggatc aggcagcctc ctgatgccag aacacctcag gcagagccct actcagctgt 1215

acctgtctgc ctggactgtc ccctgtcccc gcatctcccc tgggaccagc tggagggcca 1275

catgcacaca cagcctagct gccccaggg agctctgctg cccttgctgg ccctgccctt 1335

cccacaggtg agcagggctc ctgtccacca gcacactcag ttctcttccc tgcagtgttt 1395

tcattttatt ttagccaaac attttgcctg ttttctgttt caaacatkat agttgatatg 1455

agactgaaac ccctgggttg tggagggaaa ttggctcaga gatggacaac ctggcaactg 1515

tgagtccctg cttcccgaca ccagcctcat ggaatatgca acaactcctg taccaccagtc 1575

cacggtgttc tggcagcagg gacacctggg ccaatgggcc atctggacca aaggtggggt 1635

gtggggccct ggatggcagc tctggcccag acatgaatac ctctgtttcc tcctccctct 1695

attactgttt caccagagct gtcttagctc aaatctgttg tgtttctgag tctagggtct 1755

gtacacttgt ttataataaa tgcaatcggtt tgg 1788

<210> 31

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 31

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1

5

10

15

Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu

20

25

30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser

35

40

45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro

50

55

60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln

65

70

75

80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr

85

90

95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly

100

105

110

Glu Cys Pro Cys Gln Leu

115

<210> 32

<211> 1908

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(444)

<400> 32

gggggaggaa attgaaactg agtggccac gatgggaaga ggggaaagcc caggggtaca 60

ggaggcctct ggggtgaaggc agaggctaac atg ggg ttc gga gcg acc ttg gcc 114

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala

1

5

gtt ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc gtc act atc atc atc tgc 162

Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys

10

15

20

ttc acc tgc tcc tgc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga cca cgt 210

Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg

25

30

35

40

ccg gtt gtc acc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc cct tat 258

Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr

45

50

55

cct cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc tac cag 306

Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln

60

65

70

ggc tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca ccc tac 354

Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr

75

80

85

cca atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc cca ccg 402

Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro

90

95

100

gcc tac cac gag acc ctg gct ggt gag tgc ccc tgc caa ctc 444

Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Glu Cys Pro Cys Gln Leu

105

110

115

tagccctgcc cgacttcccg agtctctgcc agcatccctc gggcacccat cccaaactac 504

atcactcaac aggctctgc ccctttctgc ttgcctgcc ctcacacggc agcccacat 564

gctcacagcc aaccagggtc ctctctgctt tcaggaggag cagccgcgcc ctaccccgcc 624

agccagcctc cttacaaccc ggcctacatg gatgccccga aggcggccct ctgagcattc 684

cctggcctct ctggctgcc cttggttatg ttgtgtgtgt gcgtgagtgg tgtgcaggcg 744

cggttcctta cgccccatgt gtgctgtgtg tgtccaggca cggttcctta cgccccatgt 804

gtgctgtgtg tgcctgcct gtatatgtgg cttcctctga tgctgacaag gtggggaaca 864

atccttgcca gagtgggctg ggaccagact ttgttctctt cctcacctga aattatgctt 924
cctaaaatct caagccaaac tcaaagaatg ggggtgggtggg gggcacctg tgaggtggcc 984
cctgagaggt gggggcctct ccagggcaca tctggagttc ttctccagct taccctaggg 1044
tgaccaagta gggcctgtca caccagggtg gcgcagcttt ctgtgtgatg cagatgtgtc 1104
ctggtttcgg cagcgtagcc agctgctgct tgaggccatg gctcgtcccc ggagttgggg 1164
gtaccctgtg cagagccagg gacatgatgc aggccaagct tgggatctgg ccaagttgga 1224
ctttgatcct ttgggcagat gtcccattgc tccctggagc ctgtcatgcc tgttggggat 1284
caggcagcct cctgatgcca gaacacctca ggcagagccc tactcagctg tacctgtctg 1344
cctggactgt cccctgtccc cgcattctccc ctgggaccag ctggagggcc acatgcacac 1404
acagcctagc tgccccagc gagctctgct gcccttgctg gccctgccct tcccacaggt 1464
gagcagggt cctgtccacc agcacactca gttctcttcc ctgcagtgtt ttcattttat 1524
tttagccaaa cattttgcct gttttctgtt tcaaacaatga tagttgatat gagactgaaa 1584
cccctgggtt gtggagggaa attggctcag agatggacaa cctggcaact gtgagtcctt 1644
gcttcccgcac accagcctca tggaatatgc aacaactcct gtaccccagt ccacggtgtt 1704

ctggcagcag ggacacctgg gccaatgggc catctggacc aaaggtgggg tgtggggccc 1764

tggatggcag ctctggccca gacatgaata cctcgtgttc ctcctccctc tattactgtt 1824

tcaccagagc tgtcttagct caaatctgtt gtgtttctga gtctagggtc tgtacacttg 1884

tttataataa atgcaatcgt ttgg 1908

<210> 33

<211> 168

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

Met Asn Ser Lys Gly Gln Tyr Pro Thr Gln Pro Thr Tyr Pro Val Gln
1 5 10 15

Pro Pro Gly Asn Pro Val Tyr Pro Gln Thr Leu His Leu Pro Gln Ala
20 25 30

Pro Pro Tyr Thr Asp Ala Pro Pro Ala Tyr Ser Glu Leu Tyr Arg Pro
35 40 45

Ser Phe Val His Pro Gly Ala Ala Thr Val Pro Thr Met Ser Ala Ala
50 55 60

Phe Pro Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Pro Met Ala Gln Ser Val Ala Val
65 70 75 80

Gly Pro Leu Gly Ser Thr Ile Pro Met Ala Tyr Tyr Pro Val Gly Pro
85 90 95

Ile Tyr Pro Pro Gly Ser Thr Val Leu Val Glu Gly Gly Tyr Asp Ala
100 105 110

Gly Ala Arg Phe Gly Ala Gly Ala Thr Ala Gly Asn Ile Pro Pro Pro
115 120 125

Pro Pro Gly Cys Pro Pro Asn Ala Ala Gln Leu Ala Val Met Gln Gly
130 135 140

Ala Asn Val Leu Val Thr Gln Arg Lys Gly Asn Phe Phe Met Gly Gly
145 150 155 160

Ser Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Trp
165

<210> 34

<211> 1897

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(573)

<400> 34

ctccgaacag gaagaggacg aaaaaaataa ccgtccgcga cgccgagaca aaccggaccc 60

gcaaccacc atg aac agc aaa ggt caa tat cca aca cag cca acc tac cct 111

Met Asn Ser Lys Gly Gln Tyr Pro Thr Gln Pro Thr Tyr Pro

1

5

10

gtg cag cct cct ggg aat cca gta tac cct cag acc ttg cat ctt cct 159

Val Gln Pro Pro Gly Asn Pro Val Tyr Pro Gln Thr Leu His Leu Pro

15

20

25

30

cag gct cca ccc tat acc gat gct cca cct gcc tac tca gag ctc tat 207

Gln Ala Pro Pro Tyr Thr Asp Ala Pro Pro Ala Tyr Ser Glu Leu Tyr

35

40

45

cgt ccg agc ttt gtg cac cca ggg gct gcc aca gtc ccc acc atg tca 255

Arg Pro Ser Phe Val His Pro Gly Ala Ala Thr Val Pro Thr Met Ser

50

55

60

gcc gca ttt cct gga gcc tct ctg tat ctt ccc atg gcc cag tct gtg 303

Ala Ala Phe Pro Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Pro Met Ala Gln Ser Val

65

70

75

gct gtt ggg cct tta ggt tcc aca atc ccc atg gct tat tat cca gtc 351

Ala Val Gly Pro Leu Gly Ser Thr Ile Pro Met Ala Tyr Tyr Pro Val

80

85

90

ggt ccc atc tat cca cct ggc tcc aca gtg ctg gtg gaa gga ggg tat 399

Gly Pro Ile Tyr Pro Pro Gly Ser Thr Val Leu Val Glu Gly Gly Tyr

95

100

105

110

gat gca ggt gcc aga ttt gga gct ggg gct act gct ggc aac att cct 447

Asp Ala Gly Ala Arg Phe Gly Ala Gly Ala Thr Ala Gly Asn Ile Pro

115

120

125

cct cca cct cct gga tgc cct ccc aat gct gct cag ctt gca gtc atg 495

Pro Pro Pro Pro Gly Cys Pro Pro Asn Ala Ala Gln Leu Ala Val Met

130

135

140

cag gga gcc aac gtc ctc gta act cag cgg aag ggg aac ttc ttc atg 543

Gln Gly Ala Asn Val Leu Val Thr Gln Arg Lys Gly Asn Phe Phe Met

145

150

155

ggt ggt tca gat ggt ggc tac acc atc tgg tgaggaacca aggccacctc 593

Gly Gly Ser Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Trp

160

165

tgtgccggga aagacatcac ataccttcag cacttctcac aatgtaactg ctttagtcat 653

attaacctga agttgcagtt tagacacatg ttgttggggt gtctttctgg tgcccaaact 713

ttcaggcact tttcaaattt aataaggaac catgtaatgg tagcagtacc tccctaaagc 773

atthtgaggt aggggaggt tccattcata aatgaatgt gggatgaagcc gccctaagga 833

ttttccttta atttctctgg agtaatactg taccatactg gtctttgctt ttagtaataa 893

aacatcaaat taggtttgga gggaactttg atcttcctaa gaattaaagt tgccaaatta 953

ttctgattgg tctttaatct cctttaagtc ttgatatat attacttggt ataatggaa 1013

cgcattagtt gtctgccttt tcctttccat cccttgcccc acccatecca tctccaaccc 1073

tagtcttcca tttcctcccg ccagtctcca ttgaatcaat ggtgcaggac agaaagccag 1133

tcagactaat ttccttcttt cctcgcactt ctccccactc gtcacttttt aactagtgtt 1193

tcacaaggat cctctgaaac cctctctgtg cccaagtac agatgccatt acttctgctt 1253

tcgtatctcc tcaggcaaaa gtggagggtg ccttatgggc cctcctcata ggttgtctct 1313

gcatacacga acctaacca aatttgcttt ggtgccagaa aaactgagct atgtttgaac 1373

aaagatgtcg tgcaaactgt actgtgaaca acagttggtt taaaatatga ggggcaagga 1433

ggaggatgca tttcaaaagc ttgattgatg tgttcagagc taaattaaga ggagttttca 1493

gatcaaaaac tggttaccat tttttgtcag agtgtctgat gcggccactc attcggtcc 1553

ccagaattcc tagactgggt taatagggtc atattgtgaa tgtctcacta caaatgact 1613

tgagtccagt gaaatctcat tagggtttaa gaatatttca gggatcctta atgttttgat 1673

ttttgttttc tgaaattgga ttttatatta ttttatctta taatttcagt tcatctaaat 1733

tgtgtgttct gtacatgtga tgtttgactg taccattgac tgttatggaa gttcagcgtt 1793

gtatgtctct ctctacactg tgggtgcactt aacttgtgga atttttatac taaaaatgta 1853

gaataaagac tattttgaag atttgaataa agtgatgaag ttgc

1897

<210> 35

<211> 455

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 35

Met Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ser Ile Met Ile Thr Ser Gln Ile Leu

1 5 10 15

Phe Phe Gly Phe Gly Trp Leu Phe Phe Met Arg Gln Leu Phe Lys Asp

20 25 30

Tyr Glu Ile Arg Gln Tyr Val Val Gln Val Ile Phe Ser Val Thr Phe

35 40 45

Ala Phe Ser Cys Thr Met Phe Glu Leu Ile Ile Phe Glu Ile Leu Gly

50 55 60

Val Leu Asn Ser Ser Ser Arg Tyr Phe His Trp Lys Met Asn Leu Cys

65 70 75 80

Val Ile Leu Leu Ile Leu Val Phe Met Val Pro Phe Tyr Ile Gly Tyr

85 90 95

Phe Ile Val Ser Asn Ile Arg Leu Leu His Lys Gln Arg Leu Leu Phe

100 105 110

Ser Cys Leu Leu Trp Leu Thr Phe Met Tyr Phe Phe Trp Lys Leu Gly
115 120 125

Asp Pro Phe Pro Ile Leu Ser Pro Lys His Gly Ile Leu Ser Ile Glu
130 135 140

Gln Leu Ile Ser Arg Val Gly Val Ile Gly Val Thr Leu Met Ala Leu
145 150 155 160

Leu Ser Gly Phe Gly Ala Val Asn Cys Pro Tyr Thr Tyr Met Ser Tyr
165 170 175

Phe Leu Arg Asn Val Thr Asp Thr Asp Ile Leu Ala Leu Glu Arg Arg
180 185 190

Leu Leu Gln Thr Met Asp Met Ile Ile Ser Lys Lys Lys Arg Met Ala
195 200 205

Met Ala Arg Arg Thr Met Phe Gln Lys Gly Glu Val His Asn Lys Pro
210 215 220

Ser Gly Phe Trp Gly Met Ile Lys Ser Val Thr Thr Ser Ala Ser Gly
225 230 235 240

Ser Glu Asn Leu Thr Leu Ile Gln Gln Glu Val Asp Ala Leu Glu Glu
245 250 255

Leu Ser Arg Gln Leu Phe Leu Glu Thr Ala Asp Leu Tyr Ala Thr Lys
260 265 270

Glu Arg Ile Glu Tyr Ser Lys Thr Phe Lys Gly Lys Tyr Phe Asn Phe
275 280 285

Leu Gly Tyr Phe Phe Ser Ile Tyr Cys Val Trp Lys Ile Phe Met Ala
290 295 300

Thr Ile Asn Ile Val Phe Asp Arg Val Gly Lys Thr Asp Pro Val Thr
305 310 315 320

Arg Gly Ile Glu Ile Thr Val Asn Tyr Leu Gly Ile Gln Phe Asp Val
325 330 335

Lys Phe Trp Ser Gln His Ile Ser Phe Ile Leu Val Gly Ile Ile Ile
340 345 350

Val Thr Ser Ile Arg Gly Leu Leu Ile Thr Leu Thr Lys Phe Phe Tyr
355 360 365

Ala Ile Ser Ser Ser Lys Ser Ser Asn Val Ile Val Leu Leu Leu Ala
370 375 380

Gln Ile Met Gly Met Tyr Phe Val Ser Ser Val Leu Leu Ile Arg Met
385 390 395 400

Ser Met Pro Leu Glu Tyr Arg Thr Ile Ile Thr Glu Val Leu Gly Glu
405 410 415

Leu Gln Phe Asn Phe Tyr His Arg Trp Phe Asp Val Ile Phe Leu Val

420

425

430

Ser Ala Leu Ser Ser Ile Leu Phe Leu Tyr Leu Ala His Lys Gln Ala

435

440

445

Pro Glu Lys Gln Met Ala Pro

450

455

<210> 36

<211> 1903

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (116)..(1480)

<400> 36

agtcccggct gcagcacctg ggagaaggca gaccgtgtga gggggcctgt ggccccagcg 60

tgctgtggcc tcggggagtg ggaagtggag gcaggagcct tccttacact tcgcc atg 118

Met

1

agt ttc ctc atc gac tcc agc atc atg att acc tcc cag ata cta ttt 166

Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ser Ile Met Ile Thr Ser Gln Ile Leu Phe

5

10

15

ttt gga ttt ggg tgg ctt ttc ttc atg cgc caa ttg ttt aaa gac tat 214

Phe Gly Phe Gly Trp Leu Phe Phe Met Arg Gln Leu Phe Lys Asp Tyr
20 25 30

gag ata cgt cag tat gtt gta cag gtg atc ttc tcc gtg acg ttt gca 262
Glu Ile Arg Gln Tyr Val Val Gln Val Ile Phe Ser Val Thr Phe Ala
35 40 45

ttt tct tgc acc atg ttt gag ctc atc atc ttt gaa atc tta gga gta 310
Phe Ser Cys Thr Met Phe Glu Leu Ile Ile Phe Glu Ile Leu Gly Val
50 55 60 65

ttg aat agc agc tcc cgt tat ttt cac tgg aaa atg aac ctg tgt gta 358
Leu Asn Ser Ser Ser Arg Tyr Phe His Trp Lys Met Asn Leu Cys Val
70 75 80

att ctg ctg atc ctg gtt ttc atg gtg cct ttt tac att ggc tat ttt 406
Ile Leu Leu Ile Leu Val Phe Met Val Pro Phe Tyr Ile Gly Tyr Phe
85 90 95

att gtg agc aat atc cga cta ctg cat aaa caa cga ctg ctt ttt tcc 454
Ile Val Ser Asn Ile Arg Leu Leu His Lys Gln Arg Leu Leu Phe Ser
100 105 110

tgt ctc tta tgg ctg acc ttt atg tat ttc ttc tgg aaa cta gga gat 502
Cys Leu Leu Trp Leu Thr Phe Met Tyr Phe Phe Trp Lys Leu Gly Asp
115 120 125

ccc ttt ccc att ctc agc cca aaa cat ggg atc tta tcc ata gaa cag 550
Pro Phe Pro Ile Leu Ser Pro Lys His Gly Ile Leu Ser Ile Glu Gln

130	135	140	145	
ctc atc agc cgg gtt ggt gtg att gga gtg act ctc atg gct ctt ctt				598
Leu Ile Ser Arg Val Gly Val Ile Gly Val Thr Leu Met Ala Leu Leu				
	150	155	160	
tct gga ttt ggt gct gtc aac tgc cca tac act tac atg tct tac ttc				646
Ser Gly Phe Gly Ala Val Asn Cys Pro Tyr Thr Tyr Met Ser Tyr Phe				
	165	170	175	
ctc agg aat gtg act gac acg gat att cta gcc ctg gaa cgg cga ctg				694
Leu Arg Asn Val Thr Asp Thr Asp Ile Leu Ala Leu Glu Arg Arg Leu				
	180	185	190	
ctg caa acc atg gat atg atc ata agc aaa aag aaa agg atg gca atg				742
Leu Gln Thr Met Asp Met Ile Ile Ser Lys Lys Lys Arg Met Ala Met				
	195	200	205	
gca cgg aga aca atg ttc cag aag ggg gaa gtg cat aac aaa cca tca				790
Ala Arg Arg Thr Met Phe Gln Lys Gly Glu Val His Asn Lys Pro Ser				
210	215	220	225	
ggt ttc tgg gga atg ata aaa agt gtt acc act tca gca tca gga agt				838
Gly Phe Trp Gly Met Ile Lys Ser Val Thr Thr Ser Ala Ser Gly Ser				
	230	235	240	
gaa aat ctt act ctt att caa cag gaa gtg gat gct ttg gaa gaa tta				886
Glu Asn Leu Thr Leu Ile Gln Gln Glu Val Asp Ala Leu Glu Glu Leu				
	245	250	255	

agc agg cag ctt ttt ctg gaa aca gct gat cta tat gct acc aag gag 934

Ser Arg Gln Leu Phe Leu Glu Thr Ala Asp Leu Tyr Ala Thr Lys Glu

260

265

270

aga ata gaa tac tcc aaa acc ttc aag ggg aaa tat ttt aat ttt ctt 982

Arg Ile Glu Tyr Ser Lys Thr Phe Lys Gly Lys Tyr Phe Asn Phe Leu

275

280

285

ggt tac ttt ttc tct att tac tgt gtt tgg aaa att ttc atg gct acc 1030

Gly Tyr Phe Phe Ser Ile Tyr Cys Val Trp Lys Ile Phe Met Ala Thr

290

295

300

305

atc aat att gtt ttt gat cga gtt ggg aaa acg gat cct gtc aca aga 1078

Ile Asn Ile Val Phe Asp Arg Val Gly Lys Thr Asp Pro Val Thr Arg

310

315

320

ggc att gag atc act gtg aat tat ctg gga atc caa ttt gat gtg aag 1126

Gly Ile Glu Ile Thr Val Asn Tyr Leu Gly Ile Gln Phe Asp Val Lys

325

330

335

ttt tgg tcc caa cac att tcc ttc att ctt gtt gga ata atc atc gtc 1174

Phe Trp Ser Gln His Ile Ser Phe Ile Leu Val Gly Ile Ile Ile Val

340

345

350

aca tcc atc aga gga ttg ctg atc act ctt acc aag ttc ttt tat gcc 1222

Thr Ser Ile Arg Gly Leu Leu Ile Thr Leu Thr Lys Phe Phe Tyr Ala

355

360

365

atc tct agc agt aag tcc tcc aat gtc att gtc ctg cta tta gca cag 1270

Ile Ser Ser Ser Lys Ser Ser Asn Val Ile Val Leu Leu Leu Ala Gln

370 375 380 385

ata atg ggc atg tac ttt gtc tcc tct gtg ctg ctg atc cga atg agt 1318

Ile Met Gly Met Tyr Phe Val Ser Ser Val Leu Leu Ile Arg Met Ser

390 395 400

atg cct tta gaa tac cgc acc ata atc act gaa gtc ctt gga gaa ctg 1366

Met Pro Leu Glu Tyr Arg Thr Ile Ile Thr Glu Val Leu Gly Glu Leu

405 410 415

cag ttc aac ttc tat cac cgt tgg ttt gat gtg atc ttc ctg gtc agc 1414

Gln Phe Asn Phe Tyr His Arg Trp Phe Asp Val Ile Phe Leu Val Ser

420 425 430

gct ctc tct agc ata ctc ttc ctc tat ttg gct cac aaa cag gca cca 1462

Ala Leu Ser Ser Ile Leu Phe Leu Tyr Leu Ala His Lys Gln Ala Pro

435 440 445

gag aag caa atg gca cct tgaacttaag cctactacag actgttagag 1510

Glu Lys Gln Met Ala Pro

450 455

gccagtgggtt tcaaaatttta gatataagag gggggaaaaa tggaaccagg gcctgacatt 1570

ttataaacia acaaaatgct atggtagcat ttttcacctt catagcatac tccttccccg 1630

tcaggtgata ctatgacat gagtagcatc agccagaaca tgagagggag aactaactca 1690

agacaatact cagcagagag catcccgtgt ggatatgagg ctggtgtaga ggcggagagg 1750

agccaagaaa ctaaagggtga aaaatacact ggaactctgg ggcaagacat gtctatggta 1810

gctgagccaa acacgtagga tttccgtttt aagggttcaca tggaaaaggt tatagctttg 1870

ccttgagatt gactcattaa aatcagagac tgt 1903

<210> 37

<211> 322

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 37

Met Ser Ser Leu Gly Gly Gly Ser Gln Asp Ala Gly Gly Ser Ser Ser

1

5

10

15

Ser Ser Thr Asn Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Ser Gly Pro Lys Ala

20

25

30

Gly Ala Ala Asp Lys Ser Ala Val Val Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ser

35

40

45

Val Ala Asp Asp Thr Pro Pro Pro Glu Arg Arg Asn Lys Ser Gly Ile

50

55

60

Ile Ser Glu Pro Leu Asn Lys Ser Leu Arg Arg Ser Arg Pro Leu Ser

65

70

75

80

His Tyr Ser Ser Phe Gly Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met

85

90

95

Met Gly Gly Glu Ser Ala Asp Lys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala

100

105

110

Ser Leu Leu Ala Asn Gly His Asp Leu Ala Ala Ala Met Ala Val Asp

115

120

125

Lys Ser Asn Pro Thr Ser Lys His Lys Ser Gly Ala Val Ala Ser Leu

130

135

140

Leu Ser Lys Ala Glu Arg Ala Thr Glu Leu Ala Ala Glu Gly Gln Leu

145

150

155

160

Thr Leu Gln Gln Phe Ala Gln Ser Thr Glu Met Leu Lys Arg Val Val

165

170

175

Gln Glu His Leu Pro Leu Met Ser Glu Ala Gly Ala Gly Leu Pro Asp

180

185

190

Met Glu Ala Val Ala Gly Ala Glu Ala Leu Asn Gly Gln Ser Asp Phe

195

200

205

Pro Tyr Leu Gly Ala Phe Pro Ile Asn Pro Gly Leu Phe Ile Met Thr

210

215

220

Pro Ala Gly Val Phe Leu Ala Glu Ser Ala Leu His Met Ala Gly Leu

<400> 38

tactgctggc ggctggagcg gagcgcaccg cggcgggtggt gcccagagcg gagcgcagct 60

ccctgccccg cccctccccc tcggcctcgc ggcgacggcg gcggtggcgg cttggacgac 120

tcggagagcc gagtgaagac atttccacct ggacacctga ccatgtgcct gccctgagca 180

gcgaggccca ccaggcatct ctgttgtggg cagcagggcc aggtcctggt ctgtggaccc 240

tcggcagttg gcaggctccc tctgcagtgg ggtctgggcc tcggccccac c atg tcg 297

Met Ser

1

agc ctc ggc ggt ggc tcc cag gat gcc ggc ggc agt agc agc agc agc 345

Ser Leu Gly Gly Gly Ser Gln Asp Ala Gly Gly Ser Ser Ser Ser Ser

5

10

15

acc aat ggc agc ggt ggc agt ggc agc agt ggc cca aag gca gga gca 393

Thr Asn Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Ser Gly Pro Lys Ala Gly Ala

20

25

30

gca gac aag agt gca gtg gtg gct gcc gcc gca cca gcc tca gtg gca 441

Ala Asp Lys Ser Ala Val Val Ala Ala Ala Pro Ala Ser Val Ala

35

40

45

50

gat gac aca cca ccc ccc gag cgt cgg aac aag agc ggt atc atc agt 489

Asp Asp Thr Pro Pro Pro Glu Arg Arg Asn Lys Ser Gly Ile Ile Ser

55

60

65

gag ccc ctc aac aag agc ctg cgc cgc tcc cgc ccg ctc tcc cac tac 537

Glu Pro Leu Asn Lys Ser Leu Arg Arg Ser Arg Pro Leu Ser His Tyr

70

75

80

tct tct ttt ggc agc agt ggt ggt agt ggc ggt ggc agc atg atg ggc 585

Ser Ser Phe Gly Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met Met Gly

85

90

95

gga gag tct gct gac aag gcc act gcg gct gca gcc gct gcc tcc ctg 633

Gly Glu Ser Ala Asp Lys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Leu

100

105

110

ttg gcc aat ggg cat gac ctg gcg gcg gcc atg gcg gtg gac aaa agc 681

Leu Ala Asn Gly His Asp Leu Ala Ala Ala Met Ala Val Asp Lys Ser

115

120

125

130

aac cct acc tca aag cac aaa agt ggt gct gtg gcc agc ctg ctg agc 729

Asn Pro Thr Ser Lys His Lys Ser Gly Ala Val Ala Ser Leu Leu Ser

135

140

145

aag gca gag cgg gcc acg gag ctg gca gcc gag gga cag ctg acg ctg 777

Lys Ala Glu Arg Ala Thr Glu Leu Ala Ala Glu Gly Gln Leu Thr Leu

150

155

160

cag cag ttt gcg cag tcc aca gag atg ctg aag cgc gtg gtg cag gag 825

Gln Gln Phe Ala Gln Ser Thr Glu Met Leu Lys Arg Val Val Gln Glu

165

170

175

cat ctc ccg ctg atg agc gag gcg ggt gct ggc ctg cct gac atg gag 873

His Leu Pro Leu Met Ser Glu Ala Gly Ala Gly Leu Pro Asp Met Glu
180 185 190

gct gtg gca ggt gcc gaa gcc ctc aat ggc cag tcc gac ttc ccc tac 921
Ala Val Ala Gly Ala Glu Ala Leu Asn Gly Gln Ser Asp Phe Pro Tyr
195 200 205 210

ctg ggc gct ttc ccc atc aac cca ggc ctc ttc att atg acc ccg gca 969
Leu Gly Ala Phe Pro Ile Asn Pro Gly Leu Phe Ile Met Thr Pro Ala
215 220 225

ggt gtg ttc ctg gcc gag agc gcg ctg cac atg gcg ggc ctg gct gag 1017
Gly Val Phe Leu Ala Glu Ser Ala Leu His Met Ala Gly Leu Ala Glu
230 235 240

tac ccc atg cag gga gag ctg gcc tct gcc atc agc tcc ggc aag aag 1065
Tyr Pro Met Gln Gly Glu Leu Ala Ser Ala Ile Ser Ser Gly Lys Lys
245 250 255

aag cgg aaa cgc tgc ggc atg tgc gcg ccc tgc cgg cgg cgc atc aac 1113
Lys Arg Lys Arg Cys Gly Met Cys Ala Pro Cys Arg Arg Arg Ile Asn
260 265 270

tgc gag cag tgc agc agt tgt agg aat cga aag act ggc cat cag att 1161
Cys Glu Gln Cys Ser Ser Cys Arg Asn Arg Lys Thr Gly His Gln Ile
275 280 285 290

tgc aaa ttc aga aaa tgt gag gaa ctc aaa aag aag cct tcc gct gct 1209
Cys Lys Phe Arg Lys Cys Glu Glu Leu Lys Lys Lys Pro Ser Ala Ala

295

300

305

ctg gag aag gtg atg ctt ccg acg gga gcc gcc ttc cgg tgg ttt cag 1257

Leu Glu Lys Val Met Leu Pro Thr Gly Ala Ala Phe Arg Trp Phe Gln

310

315

320

tgacggcggc ggaacccaaa gctgccctct ccgtgcaatg tcactgctcg tgtggtctcc 1317

agcaagggat tcgggcgaag acaaacggat gcacccgtct ttagaaccaa aaatattctc 1377

tcacagatth cattcctgth ttatatata tattttttgt tgcgthtta acatctccac 1437

gtccctagca t

1448

<210> 39

<211> 313

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 39

Met Ala Gly Gln Pro Gly His Met Pro His Gly Gly Ser Ser Asn Asn

1

5

10

15

Leu Cys His Thr Leu Gly Pro Val His Pro Pro Asp Pro Gln Arg His

20

25

30

Pro Asn Thr Leu Ser Phe Arg Cys Ser Leu Ala Asp Phe Gln Ile Glu

35

40

45

Lys Lys Ile Gly Arg Gly Gln Phe Ser Glu Val Tyr Lys Ala Thr Cys
50 55 60

Leu Leu Asp Arg Lys Thr Val Ala Leu Lys Lys Val Gln Ile Phe Glu
65 70 75 80

Met Met Asp Ala Lys Ala Arg Gln Asp Cys Val Lys Glu Ile Gly Leu
85 90 95

Leu Lys Gln Leu Asn His Pro Asn Ile Ile Lys Tyr Leu Asp Ser Phe
100 105 110

Ile Glu Asp Asn Glu Leu Asn Ile Val Leu Glu Leu Ala Asp Ala Gly
115 120 125

Asp Leu Ser Gln Met Ile Lys Tyr Phe Lys Lys Gln Lys Arg Leu Ile
130 135 140

Pro Glu Arg Thr Val Trp Lys Tyr Phe Val Gln Leu Cys Ser Ala Val
145 150 155 160

Glu His Met His Ser Arg Arg Val Met His Arg Asp Ile Lys Pro Ala
165 170 175

Asn Val Phe Ile Thr Ala Thr Gly Val Val Lys Leu Gly Asp Leu Gly
180 185 190

Leu Gly Arg Phe Phe Ser Ser Glu Thr Thr Ala Ala His Ser Leu Val
195 200 205

Gly Thr Pro Tyr Tyr Met Ser Pro Glu Arg Ile His Glu Asn Gly Tyr
210 215 220

Asn Phe Lys Ser Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Leu Leu Tyr Glu Met
225 230 235 240

Ala Ala Leu Gln Ser Pro Phe Tyr Gly Asp Lys Met Asn Leu Phe Ser
245 250 255

Leu Cys Gln Lys Ile Glu Gln Cys Asp Tyr Pro Pro Leu Pro Gly Glu
260 265 270

His Tyr Ser Glu Lys Leu Arg Glu Leu Val Ser Met Cys Ile Cys Pro
275 280 285

Asp Pro His Gln Arg Pro Asp Ile Gly Tyr Val His Gln Val Ala Lys
290 295 300

Gln Met His Ile Trp Met Ser Ser Thr
305 310

<210> 40

<211> 1597

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (153)..(1091)

<400> 40

ggcggaaccg agctgacggg cgtgcggccg ctgcgccgca aactcgtgtg ggacgcaccg 60

ctccagccgc ccgcgggcca gcgcaccggt cccccagcgg cagccgagcc cgcccgcgcg 120

ccgttcgtgc cctcgtgagg ctggcatgca gg atg gca gga cag ccc ggc cac 173

Met Ala Gly Gln Pro Gly His

1

5

atg ccc cat gga ggg agt tcc aac aac ctc tgc cac acc ctg ggg cct 221

Met Pro His Gly Gly Ser Ser Asn Asn Leu Cys His Thr Leu Gly Pro

10

15

20

gtg cat cct cct gac cca cag agg cat ccc aac acg ctg tct ttt cgc 269

Val His Pro Pro Asp Pro Gln Arg His Pro Asn Thr Leu Ser Phe Arg

25

30

35

tgc tcg ctg gcg gac ttc cag atc gaa aag aag ata ggc cga gga cag 317

Cys Ser Leu Ala Asp Phe Gln Ile Glu Lys Lys Ile Gly Arg Gly Gln

40

45

50

55

ttc agc gag gtg tac aag gcc acc tgc ctg ctg gac agg aag aca gtg 365

Phe Ser Glu Val Tyr Lys Ala Thr Cys Leu Leu Asp Arg Lys Thr Val

60

65

70

gct ctg aag aag gtg cag atc ttt gag atg atg gac gcc aag gcg agg 413

Ala Leu Lys Lys Val Gln Ile Phe Glu Met Met Asp Ala Lys Ala Arg

75

80

85

cag gac tgt gtc aag gag atc ggc ctc ttg aag caa ctg aac cac cca 461

Gln Asp Cys Val Lys Glu Ile Gly Leu Leu Lys Gln Leu Asn His Pro

90

95

100

aat atc atc aag tat ttg gac tcg ttt atc gaa gac aac gag ctg aac 509

Asn Ile Ile Lys Tyr Leu Asp Ser Phe Ile Glu Asp Asn Glu Leu Asn

105

110

115

att gtg ctg gag ttg gct gac gca ggg gac ctc tcg cag atg atc aag 557

Ile Val Leu Glu Leu Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ser Gln Met Ile Lys

120

125

130

135

tac ttt aag aag cag aag cgg ctc atc ccg gag agg aca gta tgg aag 605

Tyr Phe Lys Lys Gln Lys Arg Leu Ile Pro Glu Arg Thr Val Trp Lys

140

145

150

tac ttt gtg cag ctg tgc agc gcc gtg gag cac atg cat tca cgc cgg 653

Tyr Phe Val Gln Leu Cys Ser Ala Val Glu His Met His Ser Arg Arg

155

160

165

gtg atg cac cga gac atc aag cct gcc aac gtg ttc atc aca gcc acg 701

Val Met His Arg Asp Ile Lys Pro Ala Asn Val Phe Ile Thr Ala Thr

170

175

180

ggc gtc gtg aag ctc ggt gac ctt ggt ctg ggc cgc ttc ttc agc tct 749

Gly Val Val Lys Leu Gly Asp Leu Gly Leu Gly Arg Phe Phe Ser Ser

185

190

195

gag acc acc gca gcc cac tcc cta gtg ggg acg ccc tac tac atg tca 797

Glu Thr Thr Ala Ala His Ser Leu Val Gly Thr Pro Tyr Tyr Met Ser

200 205 210 215

ccg gag agg atc cat gag aac ggc tac aac ttc aag tcc gac atc tgg 845

Pro Glu Arg Ile His Glu Asn Gly Tyr Asn Phe Lys Ser Asp Ile Trp

220 225 230

tcc ttg ggc tgt ctg ctg tac gag atg gca gcc ctc cag agc ccc ttc 893

Ser Leu Gly Cys Leu Leu Tyr Glu Met Ala Ala Leu Gln Ser Pro Phe

235 240 245

tat gga gat aag atg aat ctc ttc tcc ctg tgc cag aag atc gag cag 941

Tyr Gly Asp Lys Met Asn Leu Phe Ser Leu Cys Gln Lys Ile Glu Gln

250 255 260

tgt gac tac ccc cca ctc ccc ggg gag cac tac tcc gag aag tta cga 989

Cys Asp Tyr Pro Pro Leu Pro Gly Glu His Tyr Ser Glu Lys Leu Arg

265 270 275

gaa ctg gtc agc atg tgc atc tgc cct gac ccc cac cag aga cct gac 1037

Glu Leu Val Ser Met Cys Ile Cys Pro Asp Pro His Gln Arg Pro Asp

280 285 290 295

atc gga tac gtg cac cag gtg gcc aag cag atg cac atc tgg atg tcc 1085

Ile Gly Tyr Val His Gln Val Ala Lys Gln Met His Ile Trp Met Ser

300 305 310

agc acc tgagcgtgga tgcaccgtgc cttatcaaag ccagcaccac tttgccttac 1141

Ser Thr

ttgagtcgtc ttctcttcga gtggccacct ggtagcctag aacagctaag accacagggt 1201

tcagcaggtt ccccaaaagg ctgcccagcc ttacagcaga tgctgaaggc agagcagctg 1261

agggaggggc gctggccaca tgtcactgat ggtcagattc caaagtcctt tctttatact 1321

gttgtggaca atctcagctg ggtcaataag ggcagggtgt tcagcgagcc acggcagccc 1381

cctgtatctg gattgtaatg tgaatcttta gggtaattcc tccagtgacc tgtcaaggct 1441

tatgctaaca ggagacttgc aggagaccgt gtgatttgtg tagtgagcct ttgaaaatgg 1501

ttagtaccgg gttcagttta gttcttggtta tcttttcaat caagctgtgt gcttaattta 1561

ctctgttgta aagggataaa gtggaaatca tttttt 1597

<210> 41

<211> 371

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 41

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu Val Ser Gly Asp Asn Tyr Pro Pro

1

5

10

15

Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly Pro Gln Pro Pro Met Pro Pro Tyr

20

25

30

Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Phe Gln

35

40

45

Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly Tyr Pro His Gly Pro Ser Pro Tyr

50

55

60

Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro

65

70

75

80

Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln

85

90

95

Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Ser Pro Phe Pro Pro Asn

100

105

110

Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe Pro Gly Gln Asp Pro Asp Ser Pro

115

120

125

Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu Gly Pro Pro Ser Tyr Tyr Asp Asn

130

135

140

Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp Asp Asp Lys Ser Ile Arg Gln Ala

145

150

155

160

Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr

165

170

175

Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe
180 185 190

Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe
195 200 205

Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His
210 215 220

Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr
225 230 235 240

Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met
245 250 255

Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser
260 265 270

Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val
275 280 285

Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg
290 295 300

Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe
305 310 315 320

Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln
325 330 335

Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr

340

345

350

Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg

355

360

365

Ala Lys Glu

370

<210> 42

<211> 1781

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(1203)

<400> 42

attggccatc accgcgcggc cgcgcagcgg acaccgtgcg taccggcctg cggcgcccgg 60

ccaccggggc ggaccgcgga acccgaggcc atg tcc cat gaa aag agt ttt ttg 114

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu

1

5

gtg tct ggg gac aac tat cct ccc ccc aac cct gga tat ccg ggg ggg 162

Val Ser Gly Asp Asn Tyr Pro Pro Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly

10

15

20

ccc cag cca ccc atg ccc ccc tat gct cag cct ccc tac cct ggg gcc 210

Pro Gln Pro Pro Met Pro Pro Tyr Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala

25

30

35

40

cct tac cca cag ccc cct ttc cag ccc tcc ccc tac ggt cag cca ggg 258

Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Phe Gln Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly

45

50

55

tac ccc cat ggc ccc agc ccc tac ccc caa ggg ggc tac cca cag ggt 306

Tyr Pro His Gly Pro Ser Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly

60

65

70

ccc tac ccc caa ggg ggc tac cca cag ggc ccc tac cca caa gag ggc 354

Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly

75

80

85

tac cca cag ggc ccc tac ccc caa ggg ggc tac ccc cag ggg cca tat 402

Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr

90

95

100

ccc cag agc ccc ttc ccc ccc aac ccc tat gga cag cca cag gtc ttc 450

Pro Gln Ser Pro Phe Pro Pro Asn Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe

105

110

115

120

cca gga caa gac cct gac tca ccc cag cat gga aac tac cag gag gag 498

Pro Gly Gln Asp Pro Asp Ser Pro Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu

125

130

135

ggt ccc cca tcc tac tat gac aac cag gac ttc cct gcc acc aac tgg 546

Gly Pro Pro Ser Tyr Tyr Asp Asn Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp

140

145

150

gat gac aag agc atc cga cag gcc ttc atc cgc aag gtg ttc cta gtg 594

Asp Asp Lys Ser Ile Arg Gln Ala Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val

155

160

165

ctg acc ttg cag ctg tcg gtg acc ctg tcc acg gtg tct gtg ttc act 642

Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr

170

175

180

ttt gtt gcg gag gtg aag ggc ttt gtc cgg gag aat gtc tgg acc tac 690

Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr

185

190

195

200

tat gtc tcc tat gct gtc ttc ttc atc tct ctc atc gtc ctc agc tgt 738

Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys

205

210

215

tgt ggg gac ttc cgg cga aag cac ccc tgg aac ctt gtt gca ctg tcg 786

Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser

220

225

230

gtc ctg acc gcc agc ctg tcg tac atg gtg ggg atg atc gcc agc ttc 834

Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe

235

240

245

tac aac acc gag gca gtc atc atg gcc gtg ggc atc acc aca gcc gtc 882

Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val
250 255 260

tgc ttc acc gtc gtc atc ttc tcc atg cag acc cgc tac gac ttc acc 930
Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr
265 270 275 280

tca tgc atg ggc gtg ctc ctg gtg agc atg gtg gtg ctc ttc atc ttc 978
Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe
285 290 295

gcc att ctc tgc atc ttc atc cgg aac cgc atc ctg gag atc gtg tac 1026
Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr
300 305 310

gcc tca ctg ggc gct ctg ctc ttc acc tgc ttc ctc gca gtg gac acc 1074
Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr
315 320 325

cag ctg ctg ctg ggg aac aag cag ctg tcc ctg agc cca gaa gag tat 1122
Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr
330 335 340

gtg ttt gct gcg ctg aac ctg tac aca gac atc atc aac atc ttc ctg 1170
Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu
345 350 355 360

tac atc ctc acc atc att ggc cgc gcc aag gag tagccgagct ccagctcgct 1223
Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg Ala Lys Glu

365

370

gtgcccgtc aggtggcacg gctggcctgg accctgcccc tggcacggca gtgccagctg 1283

tacttcccct ctctcttgtc cccaggcaca gcctagggaa aaggatgcct ctctccaacc 1343

ctcctgtatg tacactgcag atacttccat ttggacccgc tgtggccaca gcatggcccc 1403

tttagtcctc ccgccccgc caaggggcag caaggccacg tttccgtgcc acctcctgtc 1463

tactcattgt tgcatgagcc ctgtctgcca gccacccca gggactgggg gcagcaccag 1523

gtcccgggga gagggattga gccaagaggt gaggggtgcac gtcttccctc ctgtcccagc 1583

tccccagcct ggcgtagagc acccctcccc tccccccac cccctggag tgctgccctc 1643

tggggacatg cggagtgggg gtcttatccc tgtgctgagc cctgagggca gagaggatgg 1703

catgtttcag gggaggggga agccttcctc tcaatttggt gtcagtgaat ttccaataaa 1763

tgggatttgc tctctgcc 1781

<210> 43

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 43

Met Ser Asp Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala

1

5

10

15

Ser Ser Pro Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro

20

25

30

Ala Ala Ser Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu

35

40

45

Arg Cys Leu Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu

50

55

60

Gln Ser Arg Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr

65

70

75

80

Leu Arg Leu Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg

85

90

95

Gln Gly Leu Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met

100

105

110

Glu Gly Ala Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg

115

120

125

Lys Ala Gly Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln

130

135

140

Glu Glu Val Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala

145

150

155

160

Met Thr Phe Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala
165 170 175

Tyr Met Val Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val
180 185 190

Leu Val His Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu
195 200 205

Cys Arg Thr Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser
210 215 220

Lys His Glu Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr
225 230 235 240

His Thr Thr Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly
245 250 255

Val Asp Ile Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly
260 265 270

Tyr Asn Leu Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala
275 280 285

Asn Leu Leu Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr
290 295 300

Trp Trp Asn Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn
305 310 315 320

Arg Ala Val Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu
325 330 335

Leu Val Ser Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly
340 345 350

His Ile Lys Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala
355 360 365

Asp Ala Met Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu
370 375 380

Leu Val Pro Gly Pro Glu Lys Glu Asn
385 390

<210> 44

<211> 2396

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(1228)

<400> 44

agctgtgcac tctccatcca gctgtgcgct ctcgtcggga gtcccagcc atg tcc gac 58

Met Ser Asp

1

gag aga gag gta gcc gag gca gcg acc ggg gaa gac gcc tct tcg ccg 106

Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala Ser Ser Pro

5

10

15

cct ccg aaa acc gag gca gcg agc gac ccc cag cat ccc gcg gcc tcc 154

Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro Ala Ala Ser

20

25

30

35

gaa ggg gcc gcc gcc gcc gcc gcc gcc tcg ccg cca ctg ctg cgc tgc cta 202

Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu Arg Cys Leu

40

45

50

gtg ctc acc ggc ttt gga ggc tac gac aag gtg aag ctg cag agc cgg 250

Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu Gln Ser Arg

55

60

65

ccg gca gcg ccc ccg gcc cct ggg ccc ggc cag ctg acg ctg cgt ctg 298

Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr Leu Arg Leu

70

75

80

cgg gcc tgc ggg ctc aac ttc gca gac ctc atg gct agg cag ggg ctg 346

Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg Gln Gly Leu

85

90

95

tac gac cgt ctc ccg cct ctg cct gtc act ccg ggc atg gag ggc gcg 394

Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met Glu Gly Ala

100

105

110

115

ggt gtt gtg atc gca gtg ggc gag gga gtc agc gac cgc aag gca gga 442

Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg Lys Ala Gly

120 125 130

gac cgg gtg atg gtg ttg aac cgg tca ggg atg tgg cag gaa gag gtg 490

Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln Glu Glu Val

135 140 145

act gtg ccc tcg gtc cag acc ttc ctg att cct gag gcc atg acc ttt 538

Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala Met Thr Phe

150 155 160

gag gaa gct gct gcc ttg ctc gtc aat tac att aca gcc tac atg gtc 586

Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala Tyr Met Val

165 170 175

ctc ttt gac ttc ggc aac cta cag cct ggc cac agc gtc ttg gta cac 634

Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val Leu Val His

180 185 190 195

atg gct gca ggg ggt gtg ggt atg gct gcc gtg cag ctg tgc cgt aca 682

Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu Cys Arg Thr

200 205 210

gtg gag aat gtg aca gtg ttc gga acg gcc tcg gcc agc aag cac gag 730

Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser Lys His Glu

215 220 225

gca ctg aag gag aat ggg gtc aca cat ccc atc gac tat cac acg act 778

Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr His Thr Thr
230 235 240

gac tac gtg gat gag atc aag aag att tcc cct aaa gga gtg gac att 826
Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly Val Asp Ile
245 250 255

gtc atg gac cct ctg ggt ggg tca gat act gcc aag ggc tac aac ctc 874
Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly Tyr Asn Leu
260 265 270 275

ctg aaa ccc atg ggc aaa gtc gtc acc tat gga atg gcc aac ctg ctg 922
Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala Asn Leu Leu
280 285 290

acg ggc ccc aaa cgg aac ctg atg gcc ctg gcc cgg aca tgg tgg aat 970
Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr Trp Trp Asn
295 300 305

cag ttc agc gtg aca gct ctg cag ctg ctg cag gcc aac cgg gct gtg 1018
Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn Arg Ala Val
310 315 320

tgt ggc ttc cac ctg ggc tac ctg gat ggt gag gtg gag ctg gtc agt 1066
Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu Leu Val Ser
325 330 335

ggt gtg gtg gcc cgc ctc ctg gct ctg tac aac cag ggc cac atc aag 1114
Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly His Ile Lys

340

345

350

355

ccc cac att gac tca gtc tgg ccc ttc gag aag gtg gct gat gcc atg 1162

Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala Asp Ala Met

360

365

370

aaa cag atg cag gag aag aag aat gtg ggc aag gtc ctc ctg gtt cca 1210

Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu Leu Val Pro

375

380

385

ggg cca gag aag gag aac tagggcaagt ggctgtgaga ccctagagac 1258

Gly Pro Glu Lys Glu Asn

390

cagcgaaggg agaagttggg aagctacgtt ctgttggcca ccagacttgc atttcagcct 1318

ctgtcataat gctctgccct ccctcccccg aagttctctg tggatgatgac cgctctcccc 1378

tgccccctccc cgcttcctga cctctgaaga gggttggaag tgaccatttg gatgtctggg 1438

ccctgccaag gcgacaggga gggtcagagg gaggccggct gcttcctgcc cccacccttt 1498

ccccgggcct gctgtgctgc ttttgtgcca aggttagcca gtccccctg ttgtgttcca 1558

tgtgctttca cctctgcctc atctttcctc ccgtccctgc cccgccacct ccccaaagaa 1618

ttgaaacgtc agctcaggat atggggccaa tctctgtgag tccagcatgt acctgtctct 1678

ccctagtgtc ccttcagcct gggctgacca gtgcccgcct ctgggcttga ccagttccca 1738

atctcgtcct ctgtcccca cttcttaagc acaattgggc ttcttccatc tccaggtttt 1798

ctgccattct taaccaaggc agccccaagc ctcttgggga ggcagggcaa aaacaggtgc 1858

cctcatcgtg gtctgtgcca tgtcccgtct ctatggtggt tgaggagaaa ggcggggaag 1918

cttcctcagc cttgcagata tgtgtggcat ttactagcca gagctctgaa aggcagtgc 1978

gtctgtttct tgtactggga ccaaagtaaa aatccaagca cattcccctt gcagttaggg 2038

gaggccctac tgccttctca aagcagagag gcagcttatt aaactcagcc caaaactctg 2098

tttacctggg tggggagatg gagcaggga gtacagagtg ggatgggtcag gacctgggcc 2158

attgcaacca aatggggac ttcctgggta gggaggtcac tccctctact cactgagcta 2218

ggattagga gggttattgc cccaaccatt gcaatgggag gtggaggga aggctcagcc 2278

tcctcattgt ctaaagagg cctaaatgtg tgaagtgcga tttctgcttt tgtgtacccc 2338

accaccccat taccacagct gcctttgtgt gtttgtgtca ataaaaagcc aaaccctg 2396

<210> 45

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 45

Met Ser Asp Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala
1 5 10 15

Ser Ser Pro Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro
20 25 30

Ala Ala Ser Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu
35 40 45

Arg Cys Leu Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu
50 55 60

Gln Ser Arg Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr
65 70 75 80

Leu Arg Leu Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg
85 90 95

Gln Gly Leu Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met
100 105 110

Glu Gly Ala Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg
115 120 125

Lys Ala Gly Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln
130 135 140

Glu Glu Val Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala
145 150 155 160

Met Thr Phe Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala
165 170 175

Tyr Met Val Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val
180 185 190

Leu Val His Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu
195 200 205

Cys Arg Thr Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser
210 215 220

Lys His Glu Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr
225 230 235 240

His Thr Thr Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly
245 250 255

Val Asp Ile Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly
260 265 270

Tyr Asn Leu Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala
275 280 285

Asn Leu Leu Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr
290 295 300

Trp Trp Asn Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn

320

335

350

365

380

390

<213> Homo sapiens

<222> (50) .. (1228)

Met Ser Asp

gag aga gag gta gcc gag gca gcg acc ggg gaa gac gcc tct tcg ccg 106

Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala Ser Ser Pro

5

10

15

cct ccg aaa acc gag gca gcg agc gac ccc cag cat ccc gcg gcc tcc 154

Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro Ala Ala Ser

20

25

30

35

gaa ggg gcc gcc gcc gcc gcc gcc tcc ccg cca ctg ctg cgc tgc cta 202

Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu Arg Cys Leu

40

45

50

gtg ctc acc ggc ttt gga ggc tac gac aag gtg aag ctg cag agc cgg 250

Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu Gln Ser Arg

55

60

65

ccg gca gcg ccc ccg gcc cct ggg ccc ggc cag ctg acg ctg cgt ctg 298

Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr Leu Arg Leu

70

75

80

cgg gcc tgc ggg ctc aac ttc gca gac ctc atg gct agg cag ggg ctg 346

Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg Gln Gly Leu

85

90

95

tac gac cgt ctc ccg cct ctg cct gtc act ccg ggc atg gag ggc gcg 394

Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met Glu Gly Ala

100

105

110

115

ggt gtt gtg atc gca gtg ggc gag gga gtc agc gac cgc aag gca gga 442

Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg Lys Ala Gly

120

125

130

gac cgg gtg atg gtg ttg aac cgg tca ggg atg tgg cag gaa gag gtg 490

Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln Glu Glu Val

135

140

145

act gtg ccc tcg gtc cag acc ttc ctg att cct gag gcc atg acc ttt 538

Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala Met Thr Phe

150

155

160

gag gaa gct gct gcc ttg ctc gtc aat tac att aca gcc tac atg gtc 586

Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala Tyr Met Val

165

170

175

ctc ttt gac ttc ggc aac cta cag cct ggc cac agc gtc ttg gta cac 634

Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val Leu Val His

180

185

190

195

atg gct gca ggg ggt gtg ggt atg gct gcc gtg cag ctg tgc cgt aca 682

Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu Cys Arg Thr

200

205

210

gtg gag aat gtg aca gtg ttc gga acg gcc tcg gcc agc aag cac gag 730

Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser Lys His Glu

215

220

225

gca ctg aag gag aat ggg gtc aca cat ccc atc gac tat cac acg act 778

Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr His Thr Thr

230

235

240

gac tac gtg gat gag atc aag aag att tcc cct aaa gga gtg gac att 826

Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly Val Asp Ile

245

250

255

gtc atg gac cct ctg ggt ggg tca gat act gcc aag ggc tac aac ctc 874

Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly Tyr Asn Leu

260

265

270

275

ctg aaa ccc atg ggc aaa gtc gtc acc tat gga atg gcc aac ctg ctg 922

Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala Asn Leu Leu

280

285

290

acg ggc ccc aaa cgg aac ctg atg gcc ctg gcc cgg aca tgg tgg aat 970

Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr Trp Trp Asn

295

300

305

cag ttc agc gtg aca gct ctg cag ctg ctg cag gcc aac cgg gct gtg 1018

Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn Arg Ala Val

310

315

320

tgt ggc ttc cac ctg ggc tac ctg gat ggt gag gtg gag ctg gtc agt 1066

Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu Leu Val Ser

325

330

335

ggc gtg gtg gcc cgc ctc ctg gct ctg tac aac cag ggc cac atc aag 1114

Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly His Ile Lys
340 345 350 355

ccc cac att gac tca gtc tgg ccc ttc gag aag gtg gct gat gcc atg 1162
Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala Asp Ala Met
360 365 370

aaa cag atg cag gag aag aag aat gtg ggc aag gtc ctc ctg gtt cca 1210
Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu Leu Val Pro
375 380 385

ggg cca gag aag cag aac tagggcaagt ggctgtgaga ccctagagac 1258
Gly Pro Glu Lys Gln Asn
390

cagcgaaggg agaagttggg aagctacgtt ctgttggcca ccagacttgc atttcagcct 1318

ctgtcataat gctctgccct ccctcccccg aagttctctg tggatgatgac cgctctcccc 1378

tgccccctccc cgcttcctga cctctgaaga ggttgggaag tgaccatttg gatgtctggg 1438

ccctgccaag gcgacaggga gggtcagagg gaggccggct gcttcctgcc cccacccttt 1498

ccccgggcct gctgtgctgc ttttgtgcca aggttagcca gtccccctg ttgtgttcca 1558

tgtgctttca cctctgcctc atctttcctc ccgtccctgc cccgccacct ccccaaagaa 1618

ttgaaacgtc agctcaggat atggggccaa tctctgtgag tccagcatgt acctgtctct 1678

ccctagtgtc ccttcagcct gggctgacca gtgcccgccct ctgggcttga ccagttccca 1738

atctcgtcct ctgtccccaa cttcttaagc acaattgggc ttcttccatc tccaggtttt 1798

ctgccattct taaccaaggc agccccaagc ctcttgggga ggcagggcaa aaacaggtgc 1858

cctcatcgtg gtctgtgcca tgtcccgtct ctatgggtgt tgaggagaaa ggcggggaag 1918

cttcctcagc cttgcagata tgtgtggcat ttactagcca gagctctgaa aggcagtgtc 1978

gtctgtttct tgtactggga ccaaagtaaa aatccaagca cattcccctt gcagttaggg 2038

gaggccctac tgccttctca aagcagagag gcagcttata aaactcagcc caaaactctg 2098

tttacatggg tggggagatg gagcaggga gtacagagtg ggatgggtcag gacctgggcc 2158

attgcaacca aaatggggac ttcttgggta gggaggtcac tccctctact cactgagcta 2218

ggattaggga gggttattgc cccaaccatt gcaatgggag gtggagggac aggctcagcc 2278

tcctcattgt ctaaagagg cctaaatgtg tgaagtgcga tttctgcttt tgtgtacccc 2338

accaccccat taccacagct gcctttgtgt gtttgtgtca ataaaaagcc aaaccctg 2396

<210> 47

<211> 138

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

Met Ile Ser Leu Thr Asp Thr Gln Lys Ile Gly Met Gly Leu Thr Gly

1 5 10 15

Phe Gly Val Phe Phe Leu Phe Phe Gly Met Ile Leu Phe Phe Asp Lys

20 25 30

Ala Leu Leu Ala Ile Gly Asn Val Leu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe

35 40 45

Val Ile Gly Leu Glu Arg Thr Phe Arg Phe Phe Phe Gln Lys His Lys

50 55 60

Met Lys Ala Thr Gly Phe Phe Leu Gly Gly Val Phe Val Val Leu Ile

65 70 75 80

Gly Trp Pro Leu Ile Gly Met Ile Phe Glu Ile Tyr Gly Phe Phe Leu

85 90 95

Leu Phe Arg Gly Phe Phe Pro Val Val Val Gly Phe Ile Arg Arg Val

100 105 110

Pro Val Leu Gly Ser Leu Leu Asn Leu Pro Gly Ile Arg Ser Phe Val

115 120 125

Asp Lys Val Gly Glu Ser Asn Asn Met Val

130 135

<210> 48

<211> 2976

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (110)..(523)

<400> 48

agacgtggcg gctctgcct gggctgtttc ccggcttcat ttctcccgac tcagcttccc 60

accctgggct ttccgaggtg ctgtcgccgc tgtccccacc actgcagcc atg atc tcc 118

Met Ile Ser

1

tta acg gac acg cag aaa att gga atg gga tta aca gga ttt gga gtg 166

Leu Thr Asp Thr Gln Lys Ile Gly Met Gly Leu Thr Gly Phe Gly Val

5

10

15

ttt ttc ctg ttc ttt gga atg att ctc ttt ttt gac aaa gca cta ctg 214

Phe Phe Leu Phe Phe Gly Met Ile Leu Phe Phe Asp Lys Ala Leu Leu

20

25

30

35

gct att gga aat gtt tta ttt gta gcc ggc ttg gct ttt gta att ggt 262

Ala Ile Gly Asn Val Leu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe Val Ile Gly

40

45

50

tta gaa aga aca ttc aga ttc ttc ttc caa aaa cat aaa atg aaa gct 310

Leu Glu Arg Thr Phe Arg Phe Phe Phe Gln Lys His Lys Met Lys Ala

55

60

65

aca ggt ttt ttt ctg ggt ggt gta ttt gta gtc ctt att ggt tgg cct 358

Thr Gly Phe Phe Leu Gly Gly Val Phe Val Val Leu Ile Gly Trp Pro

70

75

80

ttg ata ggc atg atc ttc gaa att tat gga ttt ttt ctc ttg ttc agg 406

Leu Ile Gly Met Ile Phe Glu Ile Tyr Gly Phe Phe Leu Leu Phe Arg

85

90

95

ggc ttc ttt cct gtc gtt gtt ggc ttt att aga aga gtg cca gtc ctt 454

Gly Phe Phe Pro Val Val Val Gly Phe Ile Arg Arg Val Pro Val Leu

100

105

110

115

gga tcc ctc cta aat tta cct gga att aga tca ttt gta gat aaa gtt 502

Gly Ser Leu Leu Asn Leu Pro Gly Ile Arg Ser Phe Val Asp Lys Val

120

125

130

gga gaa agc aac aat atg gta taacaacaag tgaatttgaa gactcattta 553

Gly Glu Ser Asn Asn Met Val

135

aaatattgtg ttatttataa agtcatttga agaattattca gcacaaaatt aaattacatg 613

aaatagcttg taatgttctt tacaggagtt taaaacgtat agcctacaaa gtaccagcag 673

caaattagca aagaagcagt gaaaacaggc ttctactcaa gtgaactaag aagaagtcag 733

caagcaaact gagagaggtg aaatccatgt taatgatgct taagaaactc ttgaaggcta 793

tttgtgttgt ttttccacaa tgtgcgaaac tcagccatcc ttagagaact gtggtgcctg 853

tttcttttct ttttattttg aaggctcagg agcatccata ggcatttgct ttttagaaat 913

gtccactgca atggcaaaaa tatttccagt tgcactgtat ctctggaagt gatgcatgaa 973

ttcgattgga ttgtgtcatt ttaaagtatt aaaaccaagg aaaccccaat tttgatgtat 1033

ggattacttt tttttgtaaa catggttaaa ataaaacttc tgtggttctt ctgaatctta 1093

atatttcaaa gccaggtgaa aatctgaact agatattctt tgttggaata tgcaaaggtc 1153

attctttact aacttttagt tactaaatta tagctaagtt ttgtcagcag catactccgg 1213

aaagtctcat acttcttggg agtctgccct cctaagtatc tgtctatatc attcattacg 1273

tgtaagtatt taacaaaaaa gcattcttga ccatgaatga agtagtttgt ttcatagctt 1333

gtctcattga atagtattat tgaagatact aaatgatgca aaccaaattg attttttcca 1393

tgatcatgat taatttttct ttcttctttc ttttttttaa attttagcag tggcttatta 1453

tttgtttttc ataaattaaa ataacttttg ataatgttta cttaagaca tgtaacatgt 1513

taaaaggtta aacttatggc tgttttttaa gggctattca tttaatctga gttttccctt 1573

attttcagct ttttcctagc atataatagt cattaagcat gacatatcct tcatatgatc 1633

actcatcttg agttaattag aaaataacctg agttcacgtg ctaaagtcatt ttcactgtaa 1693

taaactgact atggtttctt aagaacatga cactaaaaaa aaagtgggtt ttttccaccg 1753

ttgctgatta ttagacagta ggaaatagct gttttcttta gttttacaag atgtgacagc 1813

tttagtggtg gatgtaggga aacatttcaa cagccatagt actatttggt ttaccactga 1873

ttgcactggt ttgttttttt aacagttgca aagcttttta atgcataaaa gtataattga 1933

aatctgtggt atttatttac aaacatgtct acaaaaatag attacagctt attttatttt 1993

tagttaaatc tcttaataca cagagaactc ccaatcttgc tcatctaaat aaggaaagac 2053

ttggtgtata gtgtgatggt ttagtcttaa ggattaagac atttttggta cttgcatttg 2113

acttacgatg tatctgtgaa aatgggatga tattgacaaa tggagactcc tacctcaata 2173

gttaatggaa taataagagg ctactgttgt gtctaattgt cttcaaaaaa gtaatatcct 2233

cacttgagga gtgtcaaata catactttga ggattgactt tatataaggt gccctgtaga 2293

actctgttac acatattttt gacccatatt atttacaatg tcttgataat tctacctttt 2353

tagagcaaga atagtatctg ctaatgtaag ggacatctgt atttaactcc tttgtagaca 2413

tgaatttcta tcaaaatggt ctttgcactg taacagagat tccttttttc aataatctta 2473

attcaaaagc attattagac ttgaaagggt ttgataatct ccagtcctt agtaaagatt 2533

gagagaggct ggagcagttt tcagtttta atgagctgc agttaatata aatgtgagt 2593

ttgggactgc ctggcaacat ttatatctt tattcagaac ccttgatgag actattttta 2653

aacatactag tctgctgata gaaagcacta tacatcctat tgtttctttc tttccaaaat 2713

cagccttctg tctgtaacaa aatgtactt tatagagatg gaggaaaagg tctaatacta 2773

catagcctta agtgtttctg tcattgttca agtgatattt ctgtaacaga aacatatttg 2833

gaatgttttt cttttccct tataaattgt aattcctgaa atactgctgc tttaaaaagt 2893

cccactgtca gattatatta tctaacaatt gaatattgta aatatacttg tcttacctct 2953

caataaaaagg gtacttttct att 2976

<210> 49

<211> 359

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe

1 5 10 15

His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln

20 25 30

Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val
35 40 45

Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro
50 55 60

Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met
65 70 75 80

Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile
85 90 95

Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser
100 105 110

Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu
115 120 125

His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp
130 135 140

Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg
145 150 155 160

Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His
165 170 175

Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr
180 185 190

Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu
195 200 205

Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro
210 215 220

Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile
225 230 235 240

Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser
245 250 255

Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser
260 265 270

Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe
275 280 285

Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His
290 295 300

Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met
305 310 315 320

Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser
325 330 335

Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser

340

345

350

Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

355

<210> 50

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (327)..(1403)

<400> 50

cttcaaagca gtcagcaagg tggcaagttg caaaagagct ttatcaaact gaaagtaatt 60

atgttaatat attggcaaca attattcagt tatttcaagt accattggaa gaggaaggac 120

aacgtggtgg acctatcctt gcaccagagg agattaagac tattttttggt agcatcccag 180

atatctttga tgtacacact aagataaagg atgatcttga agaccttata gttaattggg 240

atgagagcaa aagcattggt gacatttttc tgaaatattc aaaagatttg gtaaaaacct 300

accctccctt tgtaaacttc tttgaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt 353

Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys

1

5

gaa aaa cag aaa cca aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca 401
 Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala
 10 15 20 25

aaa cca gaa tgt gga cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca 449
 Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro
 30 35 40

gta cag agg tta ccc agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag 497
 Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys
 45 50 55

cat aca gct gat gaa aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att 545
 His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile
 60 65 70

gga tca ctg aag gaa gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa 593
 Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys
 75 80 85

aca gaa gct caa aag caa att ttt gat gtt gtt tat gaa gta gat gga 641
 Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly
 90 95 100 105

tgc cca gct aat ctt tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt 689
 Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val
 110 115 120

gaa aca att tct cta ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta 737

Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val

125

130

135

act ctc ttc ctc ttc aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac 785

Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His

140

145

150

aag gtt att ggc act ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca 833

Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro

155

160

165

gct tct ctt aag cat att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag 881

Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys

170

175

180

185

gta ttg gac ata aga gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg 929

Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu

190

195

200

ctt gtg agg cca cca aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag 977

Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln

205

210

215

atg aca tca gat gaa ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt 1025

Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys

220

225

230

cga cat gta gct aac acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att 1073

Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile

235

240

245

tat act gct gat cca gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac 1121

Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp

250

255

260

265

agt aca ttg agt aga gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag 1169

Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys

270

275

280

gtt aca aga gca ttc tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga 1217

Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg

285

290

295

agg gct ctt atg aca tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc 1265

Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser

300

305

310

agc aat gat aag cat gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta 1313

Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu

315

320

325

gca ggt atc cct tct ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa 1361

Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu

330

335

340

345

agg aga agt cat acg tta agt aga tct aca act cat ttg ata 1403

Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

350

355

tgaagcgta ccaaaatctt aaattataga aatgtataga cacctcatatc tcaaataaga 1463

aactgactta aatggtactt gtaattagca cttggtgaaa gctggaagga agataaataa 1523

cactaaacta tgctatttga tttttcttct tgaaagagta aggtttacct gttacatttt 1583

caagttaatt catgtaaaaa atgatagtga ttttgatgta atttatctct tgtttgaatc 1643

tgctattcaa aggccaataa ttttaagttgc tatcagctga tattagtagc tttgcaaccc 1703

tgatagagta aataaatttt atgggcgggt gccaaatact gctgtgaatc tatttgtata 1763

gtatccatga atgaatttat ggaaatagat atttgtgcag ctcaatttat gcagagatta 1823

aatgacatca taatactgga tgaaaacttg catagaattc tgattaaata gtgggtctgt 1883

ttcacatgtg cagtttgaag tatttaaata accactcctt tcacagttta ttttcttctc 1943

aagcgttttc aagatctagc atgtggattt taaaagattt gccctcatta acaagaataa 2003

catttaaagg agattgtttc aaaatatattt tgcaaattga gataaggaca gaaagattga 2063

gaaacattgt atattttgca aaaacaagat gtttgtagct gtttcagaga gagtacggta 2123

tatttatggt aattttatcc actagcaaatt cttgatttag ttgatagtg tgtggaattt 2183

tattttgaag gataagacca tgggaaaatt gtggtaaaga ctgtttgtac ccttcatgaa 2243

ataattctga agttgccatc agttttacta atcttctgtg aaatgcatag atatgcgcat 2303

gttcaacttt ttattgtggt cttataatta aatgtaaaat tgaaaattca tttgctgttt 2363

caaagtgtga tatctttcac aatagccttt ttatagtcag taattcagaa taatcaagtt 2423

catatggata aatgcatttt tatttcctat ttcttttaggg agtgctacaa atgtttgtca 2483

cttaaatttc aagtttctgt tttaatagtt aactgactat agattgtttt ctatgccatg 2543

tatgtgccac ttctgagagt agtaaagac tctttgctac attttaaaag caattgtatt 2603

agtaagaact ttgtaaataa atacctaataa ccc 2636

<210> 51

<211> 883

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu

1

5

10

15

Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu

20

25

30

Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln

35

40

45

Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu
50 55 60

Leu Thr Lys Ala Leu Lys Asp Ile Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu
65 70 75 80

Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val
85 90 95

Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp Ser Val Phe Asn Asp Leu Tyr Lys
100 105 110

Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln
115 120 125

Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser
130 135 140

Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu
145 150 155 160

Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val His His Met Gly Gly Val Ile Arg
165 170 175

Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln
180 185 190

Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys
195 200 205

Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe
210 215 220

Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe
225 230 235 240

Gln Asp Cys Ile Phe Ser Phe Leu Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr
245 250 255

Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu
260 265 270

Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu
290 295 300

Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met
305 310 315 320

Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser
325 330 335

Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn Ser Asn Arg Lys Arg Arg Arg Leu
340 345 350

Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser Arg Asp Thr Asp Val Ser Pro Phe

355	360	365
Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser		
370	375	380
Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp		
385	390	395 400
Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro		
	405	410 415
Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr		
	420	425 430
Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln		
	435	440 445
Val Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro		
	450	455 460
Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val		
465	470	475 480
His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp		
	485	490 495
Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu		
	500	505 510

Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu
515 520 525

Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu
530 535 540

Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu
545 550 555 560

Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu
565 570 575

Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr
580 585 590

Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn
595 600 605

Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val
610 615 620

Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser
625 630 635 640

Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp
645 650 655

Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile
660 665 670

Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly
675 680 685

Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu
690 695 700

Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His
705 710 715 720

Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val
725 730 735

Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp
740 745 750

Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp
755 760 765

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn
770 775 780

Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys
785 790 795 800

Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro
805 810 815

Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu

820

825

830

Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser

835

840

845

Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu

850

855

860

Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr

865

870

875

880

His Leu Ile

<210> 52

<211> 3910

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (29)..(2677)

<400> 52

agagtgctga tttagaagaa tacaaatc atg gct gaa aat agt gta tta aca 52

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr

1

5

tcc act act ggg agg act agc ttg gca gac tct tcc att ttt gat tct 100

Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser
10 15 20

aaa gtt act gag att tcc aag gaa aac tta ctt att gga tct act tca 148
Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser
25 30 35 40

tat gta gaa gaa gag atg cct cag att gaa aca aga gtg ata ttg gtt 196
Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val
45 50 55

caa gaa gct gga aaa caa gaa gaa ctt aca aaa gcc tta aag gac att 244
Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu Leu Thr Lys Ala Leu Lys Asp Ile
60 65 70

aaa gtg ggc ttt gta aag atg gag tca gtg gaa gaa ttt gaa ggt ttg 292
Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu
75 80 85

gat tct ccg gaa ttt gaa aat gta ttt gta gtc acg gac ttt cag gat 340
Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp
90 95 100

tct gtc ttt aat gac ctc tac aag gct gat tgt aga gtt att gga cca 388
Ser Val Phe Asn Asp Leu Tyr Lys Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro
105 110 115 120

cca gtt gta tta aat tgt tca caa aaa gga gag cct ttg cca ttt tca 436
Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser

125	130	135	
tgt cgc ccg ttg tat tgt aca agt atg atg aat cta gta cta tgc ttt			484
Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe			
140	145	150	
act gga ttt agg aaa aaa gaa gaa cta gtc agg ttg gtg aca ttg gtc			532
Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val			
155	160	165	
cat cac atg ggt gga gtt att cga aaa gac ttt aat tca aaa gtt aca			580
His His Met Gly Gly Val Ile Arg Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr			
170	175	180	
cat ttg gtg gca aat tgt aca caa gga gaa aaa ttc agg gtt gct gtg			628
His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val			
185	190	195	200
agt cta ggt act cca att atg aag cca gaa tgg att tat aaa gct tgg			676
Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp			
205	210	215	
gaa agg cgg aat gaa cag gat ttc tat gca gca gtt gat gac ttt aga			724
Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg			
220	225	230	
aat gaa ttt aaa gtt cct cca ttt caa gat tgt att ttt agt ttc ctg			772
Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe Gln Asp Cys Ile Phe Ser Phe Leu			
235	240	245	

gga ttt tca gat gaa gag aaa acc aat atg gaa gaa atg act gaa atg 820

Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met

250

255

260

caa gga ggt aaa tat tta ccg ctt gga gat gaa aga tgc act cac ctt 868

Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu

265

270

275

280

gta gtt gaa gag aat ata gta aaa gat ctt ccc ttt gaa cct tca aag 916

Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys

285

290

295

aaa ctt tat gtt gtc aag caa gag tgg ttc tgg gga agc att caa atg 964

Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met

300

305

310

gat gcc cga gct gga gaa act atg tat tta tat gaa aag gca aat act 1012

Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr

315

320

325

cct gag ctc aag aaa tca gtg tca atg ctt tct cta aat acc cct aac 1060

Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn

330

335

340

agc aat cgc aaa cga cgt cgt tta aaa gaa aca ctt gct cag ctt tca 1108

Ser Asn Arg Lys Arg Arg Arg Leu Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser

345

350

355

360

aga gat aca gac gtg tca cca ttt cca ccc cgt aag cgc cca tca gct 1156
 Arg Asp Thr Asp Val Ser Pro Phe Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala
 365 370 375

gag cat tcc ctt tcc ata ggg tca ctc cta gat atc tcc aac aca cca 1204
 Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro
 380 385 390

gag tct agc att aac tat gga gac acc cca aag tct tgt act aag tct 1252
 Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser
 395 400 405

tct aaa agc tcc act cca gtt cct tca aag cag tca gca agg tgg caa 1300
 Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln
 410 415 420

gtt gca aaa gag ctt tat caa act gaa agt aat tat gtt aat ata ttg 1348
 Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu
 425 430 435 440

gca aca att att cag tta ttt caa gta cca ttg gaa gag gaa gga caa 1396
 Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln Val Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln
 445 450 455

cgt ggt gga cct atc ctt gca cca gag gag att aag act att ttt ggt 1444
 Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly
 460 465 470

agc atc cca gat atc ttt gat gta cac act aag ata aag gat gat ctt 1492

Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu
475 480 485

gaa gac ctt ata gtt aat tgg gat gag agc aaa agc att ggt gac att 1540
Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile
490 495 500

ttt ctg aaa tat tca aaa gat ttg gta aaa acc tac cct ccc ttt gta 1588
Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val
505 510 515 520

aac ttc ttt gaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt gaa aaa cag 1636
Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln
525 530 535

aaa cca aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca aaa cca gaa 1684
Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu
540 545 550

tgt gga cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca gta cag agg 1732
Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg
555 560 565

tta ccc agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag cat aca gct 1780
Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala
570 575 580

gat gaa aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att gga tca ctg 1828
Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu

585

590

595

600

aag gaa gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa aca gaa gct 1876

Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala

605

610

615

caa aag caa att ttt gat gtt gtt tat gaa gta gat gga tgc cca gct 1924

Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala

620

625

630

aat ctt tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt gaa aca att 1972

Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile

635

640

645

tct cta ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta act ctc ttc 2020

Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe

650

655

660

ctc ttc aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac aag gtt att 2068

Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile

665

670

675

680

ggc act ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca gct tct ctt 2116

Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu

685

690

695

aag cat att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag gta ttg gac 2164

Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp

700

705

710

ata aga gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg ctt gtg agg 2212

Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg

715

720

725

cca cca aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag atg aca tca 2260

Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser

730

735

740

gat gaa ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt cga cat gta 2308

Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val

745

750

755

760

gct aac acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att tat act gct 2356

Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala

765

770

775

gat cca gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac agt aca ttg 2404

Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu

780

785

790

agt aga gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag gtt aca aga 2452

Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg

795

800

805

gca ttc tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga agg gct ctt 2500

Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu

810

815

820

atg aca tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc agc aat gat 2548
Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp
825 830 835 840

aag cat gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta gca ggt atc 2596
Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile
845 850 855

cct tct ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa agg aga agt 2644
Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser
860 865 870

cat acg tta agt aga tct aca act cat ttg ata tgaagcgtta ccaaaatctt 2697
His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile
875 880

aaattataga aatgtataga cacctcatatc tcaaataaga aactgactta aatggtactt 2757

gtaattagca cttggtgaaa gctggaagga agataaataa cactaaacta tgctatttga 2817

tttttcttct tgaaagagta aggtttacct gttacatttt caagttaatt catgtaaaaa 2877

atgatagtga ttttgatgta atttatctct tgtttgaatc tgcattcaa aggccaataa 2937

tttaagttgc tatcagctga tattagtagc ttgcaaccc tgatagagta aataaatttt 2997

atgggcgggt gccaaatact gctgtgaatc tatttgtata gatatcatga atgaatttat 3057

ggaaatagat atttgtgcag ctcaatttat gcagagatta aatgacatca taatactgga 3117

tgaaaacttg catagaattc tgattaaata gtgggtctgt ttcacatgtg cagtttgaag 3177

tatttaaata accactcctt tcacagttta ttttcttctc aagcgttttc aagatctagc 3237

atgtggattt taaaagattt gccctcatta acaagaataa catttaaagg agattgtttc 3297

aaaatatatt tgcaaattga gataaggaca gaaagattga gaaacattgt atattttgca 3357

aaaacaagat gtttgtagct gtttcagaga gagtacggta tatttatggg aattttatcc 3417

actagcaaata cttagatttag tttagatagtg tgtggaattt tattttgaag gataagacca 3477

tgggaaaatt gtggtaaaga ctgtttgtac ccttcatgaa ataattctga agttgccatc 3537

agttttacta atcttctgtg aaatgcatag atatgcgcat gttcaacttt ttattgtggg 3597

cttataatta aatgtaaaat tgaaaattca tttgctgttt caaagtgtga tatctttcac 3657

aatagccttt ttatagtcag taattcagaa taatcaagtt catatggata aatgcatttt 3717

tatttcctat ttcttttaggg agtgctacaa atgtttgtca cttaaatttc aagtttctgt 3777

tttaatagtt aactgactat agattgtttt ctatgccatg tatgtgccac ttctgagagt 3837

agtaaataac tctttgctac attttaaaag caattgtatt agtaagaact ttgtaaataa 3897

atacctaataa ccc 3910

<210> 53

<211> 622

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 53

Met Glu Gly Pro Gly Leu Gly Ser Gln Cys Arg Asn His Ser His Gly

1

5

10

15

Pro His Pro Pro Gly Phe Gly Arg Tyr Gly Ile Cys Ala His Glu Asn

20

25

30

Lys Glu Leu Ala Asn Ala Arg Glu Ala Leu Pro Leu Ile Glu Asp Ser

35

40

45

Ser Asn Cys Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Phe Glu Arg

50

55

60

Cys Lys Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys

65

70

75

80

Glu Asn Val Ser Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Leu Asp

85

90

95

Leu Val Lys Phe Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Val Val Asp Gln Leu Gly

100

105

110

Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Ile Arg Gln Gly His

115

120

125

Leu Pro Met Val Ile Leu Leu Leu Gln His Gly Ala Asp Pro Thr Leu
130 135 140

Ile Asp Gly Glu Gly Phe Ser Ser Ile His Leu Ala Val Leu Phe Gln
145 150 155 160

His Met Pro Ile Ile Ala Tyr Leu Ile Ser Lys Gly Gln Ser Val Asn
165 170 175

Met Thr Asp Val Asn Gly Gln Thr Pro Leu Met Leu Ser Ala His Lys
180 185 190

Val Ile Gly Pro Glu Pro Thr Gly Phe Leu Leu Lys Phe Asn Pro Ser
195 200 205

Leu Asn Val Val Asp Lys Ile His Gln Asn Thr Pro Leu His Trp Ala
210 215 220

Val Ala Ala Gly Asn Val Asn Ala Val Asp Lys Leu Leu Glu Ala Gly
225 230 235 240

Ser Ser Leu Asp Ile Gln Asn Val Lys Gly Glu Thr Pro Leu Asp Met
245 250 255

Ala Leu Gln Asn Lys Asn Gln Leu Ile Ile His Met Leu Lys Thr Glu
260 265 270

Ala Lys Met Arg Ala Asn Gln Lys Phe Arg Leu Trp Arg Trp Leu Gln

275

280

285

Lys Cys Glu Leu Phe Leu Leu Leu Met Leu Ser Val Ile Thr Met Trp

290

295

300

Ala Ile Gly Tyr Ile Leu Asp Phe Asn Ser Asp Ser Trp Leu Leu Lys

305

310

315

320

Gly Cys Leu Leu Val Thr Leu Phe Phe Leu Thr Ser Leu Phe Pro Arg

325

330

335

Phe Leu Val Gly Tyr Lys Asn Leu Val Tyr Leu Pro Thr Ala Phe Leu

340

345

350

Leu Ser Ser Val Phe Trp Ile Phe Met Thr Trp Phe Ile Leu Phe Phe

355

360

365

Pro Asp Leu Ala Gly Ala Pro Phe Tyr Phe Ser Phe Ile Phe Ser Ile

370

375

380

Val Ala Phe Leu Tyr Phe Phe Tyr Lys Thr Trp Ala Thr Asp Pro Gly

385

390

395

400

Phe Thr Lys Ala Ser Glu Glu Glu Lys Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu

405

410

415

Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Phe Arg Thr Phe Cys Thr Ser Cys Leu

420

425

430

Ile Arg Lys Pro Leu Arg Ser Leu His Cys His Val Cys Asn Cys Cys
435 440 445

Val Ala Arg Tyr Asp Gln His Cys Leu Trp Thr Gly Arg Cys Ile Gly
450 455 460

Phe Gly Asn His His Tyr Tyr Ile Phe Phe Leu Phe Phe Leu Ser Met
465 470 475 480

Val Cys Gly Trp Ile Ile Tyr Gly Ser Phe Ile Tyr Leu Ser Ser His
485 490 495

Cys Ala Thr Thr Phe Lys Glu Asp Gly Leu Trp Thr Tyr Leu Asn Gln
500 505 510

Ile Val Ala Cys Ser Pro Trp Val Leu Tyr Ile Leu Met Leu Ala Thr
515 520 525

Phe His Phe Ser Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Asn Gln Leu Phe Gln
530 535 540

Ile Ala Phe Leu Gly Leu Thr Ser His Glu Arg Ile Ser Leu Gln Lys
545 550 555 560

Gln Ser Lys His Met Lys Gln Thr Leu Ser Leu Arg Lys Thr Pro Tyr
565 570 575

Asn Leu Gly Phe Met Gln Asn Leu Ala Asp Phe Phe Gln Cys Gly Cys
580 585 590

Phe Gly Leu Val Lys Pro Cys Val Val Asp Trp Thr Ser Gln Tyr Thr

595

600

605

Met Val Phe His Pro Ala Arg Glu Lys Val Leu Arg Ser Val

610

615

620

<210> 54

<211> 2426

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (104)..(1969)

<400> 54

gcgccagcag gaagtgggag aagaggcgac ccaaggcggg ctggcgggct ggcggcagtc 60

gctacttgcc tagtagcctc agccgctgtg ggctcctggg gag atg gag ggg ccg 115

Met Glu Gly Pro

1

ggg ctg ggc tcg cag tgc agg aat cac agc cat ggc ccc cac cct cca 163

Gly Leu Gly Ser Gln Cys Arg Asn His Ser His Gly Pro His Pro Pro

5

10

15

20

gga ttt ggt cga tat ggc atc tgt gca cat gaa aac aaa gaa ctt gcc 211

Gly Phe Gly Arg Tyr Gly Ile Cys Ala His Glu Asn Lys Glu Leu Ala

25

30

35

aat gca aga gaa gct ctt cct ctt ata gag gac tct agt aac tgt gac 259

Asn Ala Arg Glu Ala Leu Pro Leu Ile Glu Asp Ser Ser Asn Cys Asp

40

45

50

att gtc aaa gct act caa tac gga att ttt gaa cga tgt aaa gag ttg 307

Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Phe Glu Arg Cys Lys Glu Leu

55

60

65

gta gaa gca gga tat gat gtc agg caa cca gat aaa gaa aat gtg tcg 355

Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Ser

70

75

80

ctt ctt cat tgg gct gct att aac aac aga ctg gat ctt gta aag ttt 403

Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Leu Asp Leu Val Lys Phe

85

90

95

100

tat att tca aaa ggt gct gtt gta gat cag ttg ggt gga gat tta aat 451

Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Val Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn

105

110

115

tca act cct ctt cac tgg gcc atc cga caa gga cat tta cct atg gtc 499

Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Ile Arg Gln Gly His Leu Pro Met Val

120

125

130

ata tta tta ctc cag cat ggt gca gac ccc act ctt att gat gga gag 547

Ile Leu Leu Leu Gln His Gly Ala Asp Pro Thr Leu Ile Asp Gly Glu

135

140

145

gga ttc agc agc atc cac ctg gca gta ttg ttt caa cac atg cct att 595

Gly Phe Ser Ser Ile His Leu Ala Val Leu Phe Gln His Met Pro Ile

150

155

160

ata gca tat ctc atc tca aag gga cag agt gtg aat atg aca gat gta 643

Ile Ala Tyr Leu Ile Ser Lys Gly Gln Ser Val Asn Met Thr Asp Val

165

170

175

180

aat ggg cag aca cct ctc atg tta tca gct cac aaa gta att ggg cca 691

Asn Gly Gln Thr Pro Leu Met Leu Ser Ala His Lys Val Ile Gly Pro

185

190

195

gaa cca act gga ttt ctt tta aag ttt aat cct tct ctc aat gtg gtt 739

Glu Pro Thr Gly Phe Leu Leu Lys Phe Asn Pro Ser Leu Asn Val Val

200

205

210

gat aaa ata cac caa aac act cca ctt cac tgg gca gtt gca gca gga 787

Asp Lys Ile His Gln Asn Thr Pro Leu His Trp Ala Val Ala Ala Gly

215

220

225

aat gtt aat gca gtt gat aag ctt ttg gaa gct ggt tct agc ctg gat 835

Asn Val Asn Ala Val Asp Lys Leu Leu Glu Ala Gly Ser Ser Leu Asp

230

235

240

atc cag aat gtt aag gga gaa aca cct ctt gat atg gct cta caa aac 883

Ile Gln Asn Val Lys Gly Glu Thr Pro Leu Asp Met Ala Leu Gln Asn

245

250

255

260

aaa aat cag ctc att att cat atg cta aaa aca gaa gcc aaa atg aga 931
 Lys Asn Gln Leu Ile Ile His Met Leu Lys Thr Glu Ala Lys Met Arg
 265 270 275

gcc aac caa aag ttc aga ctt tgg agg tgg ctg cag aaa tgc gag ctc 979
 Ala Asn Gln Lys Phe Arg Leu Trp Arg Trp Leu Gln Lys Cys Glu Leu
 280 285 290

ttc ctg ctg ctg atg ctt tct gtg att acc atg tgg gct att gga tac 1027
 Phe Leu Leu Leu Met Leu Ser Val Ile Thr Met Trp Ala Ile Gly Tyr
 295 300 305

ata ttg gac ttc aat tca gat tct tgg ctt tta aaa gga tgt ctt cta 1075
 Ile Leu Asp Phe Asn Ser Asp Ser Trp Leu Leu Lys Gly Cys Leu Leu
 310 315 320

gta aca ctg ttt ttt ctg aca tct ttg ttt cca agg ttc ttg gtt ggg 1123
 Val Thr Leu Phe Phe Leu Thr Ser Leu Phe Pro Arg Phe Leu Val Gly
 325 330 335 340

tat aag aac ctt gta tac tta cca aca gcc ttt ctg cta agt tct gtt 1171
 Tyr Lys Asn Leu Val Tyr Leu Pro Thr Ala Phe Leu Leu Ser Ser Val
 345 350 355

ttt tgg ata ttt atg act tgg ttc atc tta ttt ttt cct gat tta gca 1219
 Phe Trp Ile Phe Met Thr Trp Phe Ile Leu Phe Phe Pro Asp Leu Ala
 360 365 370

gga gcc cct ttc tat ttc agt ttc att ttc agc ata gta gcc ttt cta 1267

Gly Ala Pro Phe Tyr Phe Ser Phe Ile Phe Ser Ile Val Ala Phe Leu
 375 380 385

tac ttt ttc tat aag act tgg gca act gat cca ggc ttc act aag gct 1315
 Tyr Phe Phe Tyr Lys Thr Trp Ala Thr Asp Pro Gly Phe Thr Lys Ala
 390 395 400

tct gaa gaa gaa aag aaa gtg aat atc atc acc ctt gca gaa act ggc 1363
 Ser Glu Glu Glu Lys Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu Ala Glu Thr Gly
 405 410 415 420

tct ctg gac ttc aga aca ttt tgt aca tca tgt ctt ata agg aag cca 1411
 Ser Leu Asp Phe Arg Thr Phe Cys Thr Ser Cys Leu Ile Arg Lys Pro
 425 430 435

tta agg tca ctc cac tgc cat gta tgc aac tgc tgt gtg gct cga tat 1459
 Leu Arg Ser Leu His Cys His Val Cys Asn Cys Cys Val Ala Arg Tyr
 440 445 450

gat caa cac tgc ctg tgg act gga cgg tgc ata ggt ttt ggc aac cat 1507
 Asp Gln His Cys Leu Trp Thr Gly Arg Cys Ile Gly Phe Gly Asn His
 455 460 465

cac tat tac ata ttc ttc ttg ttt ttc ctt tcc atg gta tgt ggc tgg 1555
 His Tyr Tyr Ile Phe Phe Leu Phe Phe Leu Ser Met Val Cys Gly Trp
 470 475 480

att ata tat gga tct ttc atc tat ttg tcc agt cat tgt gcc aca aca 1603
 Ile Ile Tyr Gly Ser Phe Ile Tyr Leu Ser Ser His Cys Ala Thr Thr

485	490	495	500
ttc aaa gaa gat gga tta tgg act tac ctc aat cag att gtg gcc tgt 1651 Phe Lys Glu Asp Gly Leu Trp Thr Tyr Leu Asn Gln Ile Val Ala Cys 505 510 515			
tcc cct tgg gtt tta tat atc ttg atg cta gca act ttc cat ttc tca 1699 Ser Pro Trp Val Leu Tyr Ile Leu Met Leu Ala Thr Phe His Phe Ser 520 525 530			
tgg tca aca ttt tta tta tta aat caa ctc ttt cag att gcc ttt ctg 1747 Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Asn Gln Leu Phe Gln Ile Ala Phe Leu 535 540 545			
ggc ctg acc tcc cat gag aga atc agc ctg cag aag cag agc aag cat 1795 Gly Leu Thr Ser His Glu Arg Ile Ser Leu Gln Lys Gln Ser Lys His 550 555 560			
atg aaa cag acg ttg tcc ctc agg aag aca cca tac aat ctt gga ttc 1843 Met Lys Gln Thr Leu Ser Leu Arg Lys Thr Pro Tyr Asn Leu Gly Phe 565 570 575 580			
atg cag aac ctg gca gat ttc ttt cag tgt ggc tgc ttt ggc ttg gtg 1891 Met Gln Asn Leu Ala Asp Phe Phe Gln Cys Gly Cys Phe Gly Leu Val 585 590 595			
aag ccc tgt gtg gta gat tgg aca tca cag tac acc atg gtc ttt cac 1939 Lys Pro Cys Val Val Asp Trp Thr Ser Gln Tyr Thr Met Val Phe His 600 605 610			

cca gcc agg gag aag gtt ctt cgc tca gta tgaagaaaag caacccaaaa 1989

Pro Ala Arg Glu Lys Val Leu Arg Ser Val

615

620

ctctcaatct gatttgTTTT tgTTtatgtc gatgccctgt agTTtgaaag tgaagtaaag 2049

atttagaatt cacctaagtc caaaggaaaa cacgtggTTT ttaaagccat taggtaaaaa 2109

aagTTctcaa taaaggcatt acaattTTTT aggTTtagaa agatggactt TTctgataaa 2169

tcttggcaga catctaaaaa aaaaaccata tTTTcacaa gaaaatgcaa gttactTTTT 2229

ttggaaataa tactcactga ttatggataa aatggaatat TTcagatac tatattggct 2289

gTTTcaaaat agtactattc TTtaaacttg taattTTTgc taagttattt gtctTTgttg 2349

tatctataaa tatgtaaaaa atatttaaT agatgtacct gTTTtgctTT cacacttaat 2409

aaaaaattTT tTTTgt 2426

<210> 55

<211> 257

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 55

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu Ile Met

1

5

10

15

Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly Cys Phe

20

25

30

Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg Lys Pro

35

40

45

Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala Val Leu

50

55

60

Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe Ala Leu

65

70

75

80

Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr Ile Gly

85

90

95

Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr Ser Arg

100

105

110

Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Phe Leu Val Leu Ala Ser Gly Ala Gly

115

120

125

Glu Leu Tyr Arg Arg Lys Pro Arg Ser Arg Ser Leu Gln Ser Thr Gly

130

135

140

Gln Val Phe Leu Gly Ile Tyr Leu Ile Cys Val Ala Tyr Ser Leu Gln

145

150

155

160

His Ser Lys Glu Asp Arg Leu Ala Tyr Leu Asn His Leu Pro Gly Gly

165

170

175

Glu Leu Met Ile Gln Leu Phe Phe Val Leu Tyr Gly Ile Leu Ala Leu

180

185

190

Ala Phe Leu Ser Gly Tyr Tyr Val Thr Leu Ala Ala Gln Ile Leu Ala

195

200

205

Val Leu Leu Pro Pro Val Met Leu Leu Ile Asp Gly Asn Val Ala Tyr

210

215

220

Trp His Asn Thr Arg Arg Val Glu Phe Trp Asn Gln Met Lys Leu Leu

225

230

235

240

Gly Glu Ser Val Gly Ile Phe Gly Thr Ala Val Ile Leu Ala Thr Asp

245

250

255

Gly

<210> 56

<211> 1520

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(780)

<400> 56

tttcccaag atg gcg tcg aag ata ggt tcg aga cgg tgg atg ttg cag ctg 51

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu

1

5

10

atc atg cag ttg ggt tcg gtg ctg ctc aca cgc tgc ccc ttt tgg ggc 99

Ile Met Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly

15

20

25

30

tgc ttc agc cag ctc atg ctg tac gct gag agg gct gag gca cgc cgg 147

Cys Phe Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg

35

40

45

aag ccc gac atc cca gtg cct tac ctg tat ttc gac atg ggg gca gcc 195

Lys Pro Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala

50

55

60

gtg ctg tgc gct agt ttc atg tcc ttt ggc gtg aag cgg cgc tgg ttc 243

Val Leu Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe

65

70

75

gcg ctg ggg gcc gca ctc caa ttg gcc att agc acc tac gcc gcc tac 291

Ala Leu Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr

80

85

90

atc ggg ggc tac gtc cac tac ggg gac tgg ctg aag gtc cgt atg tac 339

Ile Gly Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr

95

100

105

110

tcg cgc aca gtt gcc atc atc ggc ggc ttt ctt gtg ttg gcc agc ggt 387

Ser Arg Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Phe Leu Val Leu Ala Ser Gly

115

120

125

gct ggg gag ctg tac cgc cgg aaa cct cgc agc cgc tcc ctg cag tcc 435

Ala Gly Glu Leu Tyr Arg Arg Lys Pro Arg Ser Arg Ser Leu Gln Ser

130

135

140

acc ggc cag gtg ttc ctg ggt atc tac ctc atc tgt gtg gcc tac tca 483

Thr Gly Gln Val Phe Leu Gly Ile Tyr Leu Ile Cys Val Ala Tyr Ser

145

150

155

ctg cag cac agc aag gag gac cgg ctg gcg tat ctg aac cat ctc cca 531

Leu Gln His Ser Lys Glu Asp Arg Leu Ala Tyr Leu Asn His Leu Pro

160

165

170

gga ggg gag ctg atg atc cag ctg ttc ttc gtg ctg tat ggc atc ctg 579

Gly Gly Glu Leu Met Ile Gln Leu Phe Phe Val Leu Tyr Gly Ile Leu

175

180

185

190

gcc ctg gcc ttt ctg tca ggc tac tac gtg acc ctc gct gcc cag atc 627

Ala Leu Ala Phe Leu Ser Gly Tyr Tyr Val Thr Leu Ala Ala Gln Ile

195

200

205

ctg gct gta ctg ctg ccc cct gtc atg ctg ctc att gat ggc aat gtt 675

Leu Ala Val Leu Leu Pro Pro Val Met Leu Leu Ile Asp Gly Asn Val

210

215

220

gct tac tgg cac aac acg cgg cgt gtt gag ttc tgg aac cag atg aag 723

Ala Tyr Trp His Asn Thr Arg Arg Val Glu Phe Trp Asn Gln Met Lys
 225 230 235

ctc ctt gga gag agt gtg ggc atc ttc gga act gct gtc atc ctg gcc 771
 Leu Leu Gly Glu Ser Val Gly Ile Phe Gly Thr Ala Val Ile Leu Ala
 240 245 250

act gat ggc tgagttttat ggcaagaggc tgagatgggc acaggagacc 820
 Thr Asp Gly
 255

actgagggtc accctgcctt cctccttgct ggcccagctg ctgtttattt atgctttttg 880

gtctgtttgt ttgatctttt gcttttttaa aattgttttt tgcagttaag aggcagctca 940

tttgtccaaa tttctgggct cagcgccttg gagggcagga gccctggcac taatgctgta 1000

caggtttttt tcctgttagg agagctgagg ccagctgccc actgagtctc ctgtccctga 1060

gaaggagta tggcagggtt gggatgcggc tactgagagt gggagagtgg gagacagagg 1120

aaggaagatg gagattggaa gtgagcaaat gtgaaaaatt cctctttgaa cctggcagat 1180

gcagctaggc tctgcagtgc tggtttggaga ctgtgagagg gagtgtgtgt gttgacacat 1240

gtggatcagg cccaggaagg gcacaggggc tgagcactac agaagtcaca tgggttctca 1300

gggtatgcca ggggcagaaa cagtaccggc tctctgtcac tcaccttgag agtagagcag 1360

accctgttct gctctgggct gtgaaggggt ggagcaggca gtggccagct ttgcccttcc 1420

tgctgtctct gtttctagct ccatgggttg cctgggtggg gtggagttcc ctcccaaaca 1480

ccagaccaca cagtcctcca aaaataaaca ttttatatag 1520

<210> 57

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 57

Met Ala Leu Phe Ala Gly Gly Lys Leu Arg Val His Leu Asp Ile Gln

1 5 10 15

Val Gly Glu His Ala Asn Asn Tyr Pro Glu Ile Ala Ala Lys Asp Lys

20 25 30

Leu Thr Glu Leu Gln Leu Arg Ala Arg Gln Leu Leu Asp Gln Val Glu

35 40 45

Gln Ile Gln Lys Glu Gln Asp Tyr Gln Arg Tyr Arg Glu Glu Arg Phe

50 55 60

Arg Leu Thr Ser Glu Ser Thr Asn Gln Arg Val Leu Trp Trp Ser Ile

65 70 75 80

Ala Gln Thr Val Ile Leu Ile Leu Thr Gly Ile Trp Gln Met Arg His

85 90 95

Leu Lys Ser Phe Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val

100

105

<210> 58

<211> 1496

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (9)..(329)

<400> 58

ctaccagg atg gct ctc ttc gct ggt ggc aaa ctg cgt gtg cat ctc gac 50

Met Ala Leu Phe Ala Gly Gly Lys Leu Arg Val His Leu Asp

1

5

10

atc cag gtt ggg gag cat gcc aac aac tac cct gag att gct gca aaa 98

Ile Gln Val Gly Glu His Ala Asn Asn Tyr Pro Glu Ile Ala Ala Lys

15

20

25

30

gat aag ctg acg gag cta cag ctc cgc gcc cgc cag ttg ctt gat cag 146

Asp Lys Leu Thr Glu Leu Gln Leu Arg Ala Arg Gln Leu Leu Asp Gln

35

40

45

gtg gaa cag att cag aag gag cag gat tac caa agg tat cgt gaa gag 194

Val Glu Gln Ile Gln Lys Glu Gln Asp Tyr Gln Arg Tyr Arg Glu Glu

50

55

60

cgc ttc cga ctg acg agc gag agc acc aac cag agg gtc cta tgg tgg 242

Arg Phe Arg Leu Thr Ser Glu Ser Thr Asn Gln Arg Val Leu Trp Trp

65

70

75

tcc att gct cag act gtc atc ctc atc ctc act ggc atc tgg cag atg 290

Ser Ile Ala Gln Thr Val Ile Leu Ile Leu Thr Gly Ile Trp Gln Met

80

85

90

cgt cac ctc aag agc ttc ttt gag gcc aag aag ctg gtg tagtgccctc 339

Arg His Leu Lys Ser Phe Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val

95

100

105

tttgatgac ccttcctttt tacctcattt atttggtact ttccccacac agtcctttat 399

ccacctggat ttttagggaa aaaaaatgaa aaagaataag tcacattggt tccatggcca 459

caaaccattc agatcagcca cttgctgacc ctggttctta aggacacatg acattagtcc 519

aatctttcaa aatcttgtct tagggcttgt gaggaatcag aactaacca ggactcagtc 579

ctgcttcttt tgcctcgagt gattttcctc tgtttttcac taaataagca aatgaaaact 639

ctctccatta ccttctgctt tctctttgtc cacttacgca gtaggtgact ggcatgtgcc 699

acagagcagg ccctgcctca ctgtctgctg gtcagttctg ggttcactta atggctttgt 759

gaatgtaa at aaggggcagg tcttggccct agaggattga gatgtttttc tatacttag 819

aactatTTTT ggataaatta tatatTTTcc ttcctagtag aagtgttact gcctgtaact 879

agctcaaaat accaatgcag tttctgcatt ctgggttttg tttttctttt tttttttttt 939

ttttttgagt ttgctcttg tcgcccaggc tggagtgcaa tggcgtgatc tcagctcact 999

ggcaacatct gcctcccggg ttcaaatgat ttcctgcct cagtctcctg agtagctggg 1059

attacaggtg cccgccacca cgctcagcta atttttgtat ttttagtaga gatggggttt 1119

taccatgttg gccaggctgg tcttagactc ctgacctcag ttgatccacc tgcctcagcc 1179

tctgcattca gtttattcac atatTTTTgg taactcccat ggcagctcct aggatttcag 1239

cggctctgtg gccagaaagc aggcaccagg gctgacctca aggccgtatc agagggccaa 1299

gcagagttct tttggatacc tgcttttcat cccacagggc cttagagtca gaggtaaggt 1359

agcaacagag ctagaatggg gcaatgcact cttaccctcc ttctcaactt ttattttaagc 1419

tgtgctaaat gttttcttca agggaaccag atttagttct ttacagaatt ttccagtga 1479

ataaaacatg ttgtaat 1496

<210> 59

<211> 272

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

Met Met Ile His Gly Phe Gln Ser Ser His Arg Asp Phe Cys Phe Gly

1

5

10

15

Pro Trp Lys Leu Thr Ala Ser Lys Thr His Ile Met Lys Ser Ala Asp

20

25

30

Val Glu Lys Leu Ala Asp Glu Leu His Met Pro Ser Leu Pro Glu Met

35

40

45

Met Phe Gly Asp Asn Val Leu Arg Ile Gln His Gly Ser Gly Phe Gly

50

55

60

Ile Glu Phe Asn Ala Thr Asp Ala Leu Arg Cys Val Asn Asn Tyr Gln

65

70

75

80

Gly Met Leu Lys Val Ala Cys Ala Glu Glu Trp Gln Glu Ser Arg Thr

85

90

95

Glu Gly Glu His Ser Lys Glu Val Ile Lys Pro Tyr Asp Trp Thr Tyr

100

105

110

Thr Thr Asp Tyr Lys Gly Thr Leu Leu Gly Glu Ser Leu Lys Leu Lys

115

120

125

Val Val Pro Thr Thr Asp His Ile Asp Thr Glu Lys Leu Lys Ala Arg

130

135

140

Glu Gln Ile Lys Phe Phe Glu Glu Val Leu Leu Phe Glu Asp Glu Leu

145	150	155	160
His Asp His Gly Val Ser Ser Leu Ser Val Lys Ile Arg Val Met Pro			
	165	170	175
Ser Ser Phe Phe Leu Leu Leu Arg Phe Phe Leu Arg Ile Asp Gly Val			
	180	185	190
Leu Ile Arg Met Asn Asp Thr Arg Leu Tyr His Glu Ala Asp Lys Thr			
	195	200	205
Tyr Met Leu Arg Glu Tyr Thr Ser Arg Glu Ser Lys Ile Ser Ser Leu			
	210	215	220
Met His Val Pro Pro Ser Leu Phe Thr Glu Pro Asn Glu Ile Ser Gln			
	225	230	235
Tyr Leu Pro Ile Lys Glu Ala Val Cys Glu Lys Leu Ile Phe Pro Glu			
	245	250	255
Arg Ile Asp Pro Asn Pro Ala Asp Ser Gln Lys Ser Thr Gln Val Glu			
	260	265	270

<210> 60

<211> 1916

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (117)..(932)

<400> 60

atggtaacgg ctcggaagcc taggaggctg ggccggaggg aggcggagga accggtgttc 60

gccgccgccg ctgcttcagc ttattccttg tggcctctgc gggtcctgcc tcagcc atg 119

Met

1

atg atc cac ggc ttc cag agc agc cac cgg gat ttc tgc ttc ggg ccc 167

Met Ile His Gly Phe Gln Ser Ser His Arg Asp Phe Cys Phe Gly Pro

5

10

15

tgg aag ctg acg gcg tcc aag acc cac atc atg aag tcg gcg gat gtg 215

Trp Lys Leu Thr Ala Ser Lys Thr His Ile Met Lys Ser Ala Asp Val

20

25

30

gag aaa tta gcc gat gaa tta cat atg cca tct ctc cct gaa atg atg 263

Glu Lys Leu Ala Asp Glu Leu His Met Pro Ser Leu Pro Glu Met Met

35

40

45

ttt gga gac aac gtt tta aga atc cag cat ggg tct ggc ttt gga att 311

Phe Gly Asp Asn Val Leu Arg Ile Gln His Gly Ser Gly Phe Gly Ile

50

55

60

65

gag ttc aat gct aca gat gcg tta aga tgt gta aac aac tac caa gga 359

Glu Phe Asn Ala Thr Asp Ala Leu Arg Cys Val Asn Asn Tyr Gln Gly

70

75

80

atg ctt aaa gtg gcc tgt gct gaa gag tgg caa gaa agc agg acg gag 407

Met Leu Lys Val Ala Cys Ala Glu Glu Trp Gln Glu Ser Arg Thr Glu

85

90

95

ggt gaa cac tcc aaa gag gtt att aaa cca tat gat tgg acc tat aca 455

Gly Glu His Ser Lys Glu Val Ile Lys Pro Tyr Asp Trp Thr Tyr Thr

100

105

110

aca gat tat aag gga acc tta ctt gga gaa tct ctt aag tta aag gtt 503

Thr Asp Tyr Lys Gly Thr Leu Leu Gly Glu Ser Leu Lys Leu Lys Val

115

120

125

gta cct aca aca gat cat ata gat aca gaa aaa ttg aaa gcc aga gaa 551

Val Pro Thr Thr Asp His Ile Asp Thr Glu Lys Leu Lys Ala Arg Glu

130

135

140

145

cag att aag ttt ttt gaa gaa gtt ctc ctt ttt gag gat gaa ctt cat 599

Gln Ile Lys Phe Phe Glu Glu Val Leu Leu Phe Glu Asp Glu Leu His

150

155

160

gat cat gga gtt tca agc ctg agt gtg aag att aga gta atg cct tct 647

Asp His Gly Val Ser Ser Leu Ser Val Lys Ile Arg Val Met Pro Ser

165

170

175

agc ttt ttc ctg ctg ttg cgg ttt ttc ttg aga att gat ggg gtg ctt 695

Ser Phe Phe Leu Leu Leu Arg Phe Phe Leu Arg Ile Asp Gly Val Leu

180

185

190

atc aga atg aat gac acg aga ctt tac cat gag gct gac aag acc tac 743

Ile Arg Met Asn Asp Thr Arg Leu Tyr His Glu Ala Asp Lys Thr Tyr

195

200

205

atg tta cga gaa tat acg tca cga gaa agc aaa att tct agt ttg atg 791

Met Leu Arg Glu Tyr Thr Ser Arg Glu Ser Lys Ile Ser Ser Leu Met

210

215

220

225

cat gtt cca cct tcc ctc ttc acg gaa cct aat gaa ata tcc cag tat 839

His Val Pro Pro Ser Leu Phe Thr Glu Pro Asn Glu Ile Ser Gln Tyr

230

235

240

tta cca ata aag gaa gca gtt tgt gag aag cta ata ttt cca gaa aga 887

Leu Pro Ile Lys Glu Ala Val Cys Glu Lys Leu Ile Phe Pro Glu Arg

245

250

255

att gat cct aac cca gca gac tca caa aaa agt aca caa gtg gaa 932

Ile Asp Pro Asn Pro Ala Asp Ser Gln Lys Ser Thr Gln Val Glu

260

265

270

taaaatgtga tacaacatat actcactatg gaatctgact ggacaccttg gctatttgta 992

aggggttatt tttattatga gaattaattg ccttgtttat gtacagattt tctgtagcct 1052

taaaggaaaa aaaaataaag atcgttacag gcaggtttca ctcaactgct atttgtactg 1112

tctgtcttca cattcatatt ccagatttat attttctgga gttaaatttg gatgatttct 1172

aaattatcac aaagtgggac ctacagcagta gtgatgtgtg tgtctcatga gcagttagca 1232

cagtctgcat tcatcatgaa acactatctt ctaccaggag gaggttaatg taaatcacca 1292

aatcccaatg ccttgatgact ttcataaggat tctgatcat gcatgttgat gtactggctc 1352

ttcactttgg gctttctgat gtttattcac acctttggag agttgcaact tgccacatac 1412

gaaattagtc tcatagtgtg gtgaacttca accccaaaat tttaaaaatg tatttcccc 1472

cagttttaaa ttgcctttga aatttaaaaa aaaaaattta gacttagtac cagaaccaa 1532

aatacctaga tttttggaga acttattaca tacatagaaa catgaatatg gtttaccwct 1592

gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtatacag actttttttt ttaacttggt gattcagatg 1652

tcttgggtccc tgaatagtc tagattactt attttgagaa ttgattgtta aaaattacag 1712

ggaattaaaa taattgcctt ttttttttta gagggtaaga gatgggtaga agagtatgcc 1772

tctgaaaatt ttattagttt attcttgtgg agaataccaa gaaaatgtgt atttgcccat 1832

tgctaaatat gatatatgcc attttgtatt tatttgtccc aagtgtcttt ttttaagagg 1892

agaataaaca ataaggaatt actg 1916

<210> 61

<211> 219

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 61

Met Asn Arg Leu Phe Gly Lys Ala Lys Pro Lys Ala Pro Pro Pro Ser

1

5

10

15

Leu Thr Asp Cys Ile Gly Thr Val Asp Ser Arg Ala Glu Ser Ile Asp

20

25

30

Lys Lys Ile Ser Arg Leu Asp Ala Glu Leu Val Lys Tyr Lys Asp Gln

35

40

45

Ile Lys Lys Met Arg Glu Gly Pro Ala Lys Asn Met Val Lys Gln Lys

50

55

60

Ala Leu Arg Val Leu Lys Gln Lys Arg Met Tyr Glu Gln Gln Arg Asp

65

70

75

80

Asn Leu Ala Gln Gln Ser Phe Asn Met Glu Gln Ala Asn Tyr Thr Ile

85

90

95

Gln Ser Leu Lys Asp Thr Lys Thr Thr Val Asp Ala Met Lys Leu Gly

100

105

110

Val Lys Glu Met Lys Lys Ala Tyr Lys Gln Val Lys Ile Asp Gln Ile

115

120

125

Glu Asp Leu Gln Asp Gln Leu Glu Asp Met Met Glu Asp Ala Asn Glu

130

135

140

Ile Gln Glu Ala Leu Ser Arg Ser Tyr Gly Thr Pro Glu Leu Asp Glu
145 150 155 160

Asp Asp Leu Glu Ala Glu Leu Asp Ala Leu Gly Asp Glu Leu Leu Ala
165 170 175

Asp Glu Asp Ser Ser Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Ser Ala Pro Ala Ile
180 185 190

Pro Glu Gly Val Pro Thr Asp Thr Lys Asn Lys Asp Gly Val Leu Val
195 200 205

Asp Glu Phe Gly Leu Pro Gln Ile Pro Ala Ser
210 215

<210> 62

<211> 1362

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49)..(705)

<400> 62

gttttctggt ttgctctag tgtttgggtt tcttcgcggc tgctcaag atg aac cga 57

Met Asn Arg

1

ctc ttc ggg aaa gcg aaa ccc aag gct ccg ccg ccc agc ctg act gac 105
 Leu Phe Gly Lys Ala Lys Pro Lys Ala Pro Pro Pro Ser Leu Thr Asp
 5 10 15

tgc att ggc acg gtg gac agt aga gca gaa tcc att gac aag aag att 153
 Cys Ile Gly Thr Val Asp Ser Arg Ala Glu Ser Ile Asp Lys Lys Ile
 20 25 30 35

tct cga ttg gat gct gag cta gtg aag tat aag gat cag atc aag aag 201
 Ser Arg Leu Asp Ala Glu Leu Val Lys Tyr Lys Asp Gln Ile Lys Lys
 40 45 50

atg aga gag ggt cct gca aag aat atg gtc aag cag aaa gcc ttg cga 249
 Met Arg Glu Gly Pro Ala Lys Asn Met Val Lys Gln Lys Ala Leu Arg
 55 60 65

gtt tta aag caa aag agg atg tat gag cag cag cgg gac aat ctt gcc 297
 Val Leu Lys Gln Lys Arg Met Tyr Glu Gln Gln Arg Asp Asn Leu Ala
 70 75 80

caa cag tca ttc aac atg gaa caa gcc aat tat acc atc cag tct ttg 345
 Gln Gln Ser Phe Asn Met Glu Gln Ala Asn Tyr Thr Ile Gln Ser Leu
 85 90 95

aag gac acc aag acc acg gtt gat gct atg aaa ctg gga gta aag gaa 393
 Lys Asp Thr Lys Thr Thr Val Asp Ala Met Lys Leu Gly Val Lys Glu
 100 105 110 115

atg aag aag gca tac aag caa gtg aag atc gac cag att gag gat tta 441

Met Lys Lys Ala Tyr Lys Gln Val Lys Ile Asp Gln Ile Glu Asp Leu
120 125 130

caa gac cag cta gag gat atg atg gaa gat gca aat gaa atc caa gaa 489
Gln Asp Gln Leu Glu Asp Met Met Glu Asp Ala Asn Glu Ile Gln Glu
135 140 145

gca ctg agt cgc agt tat ggc acc cca gaa ctg gat gaa gat gat tta 537
Ala Leu Ser Arg Ser Tyr Gly Thr Pro Glu Leu Asp Glu Asp Asp Leu
150 155 160

gaa gca gag ttg gat gca cta ggt gat gag ctt ctg gct gat gaa gac 585
Glu Ala Glu Leu Asp Ala Leu Gly Asp Glu Leu Leu Ala Asp Glu Asp
165 170 175

agt tct tat ttg gat gag gca gca tct gca cct gca att cca gaa ggt 633
Ser Ser Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Ser Ala Pro Ala Ile Pro Glu Gly
180 185 190 195

gtt ccc act gat aca aaa aac aag gat gga gtt ctg gtg gat gaa ttt 681
Val Pro Thr Asp Thr Lys Asn Lys Asp Gly Val Leu Val Asp Glu Phe
200 205 210

gga ttg cca cag atc cct gct tca tagatttgca tcattcaagc atatcttgta 735
Gly Leu Pro Gln Ile Pro Ala Ser
215

aaacaaacac atattatggg actaggaaat atttatcttt ccaaatttgc cataacagat 795

ttaggtttct ttcctttctt tgaaggaaag ttttaattaca ttgctctttt attttttcca 855

ttaagagact cattgcttgg gaaatgcttt cttcgtacta aaatttgatt cctttttttt 915

cttatgaaaa acgaactcag tttaaaagta tttttagctc gtatgacttg ttttcattca 975

ttaataataa ttgaaataa aactaaggaa atggaatctt aaaagtctat gacagtgtaa 1035

ctctacagtc tcaaaatgac ctgataaatt gataagacaa agatgagatt attggggctg 1095

ttcatattat gattcagaat cattttctat tgtggtatta taggttggtt aaagtgatgg 1155

cctttttgat gggttttggt gtgtcttggtg aacaagtcgt tactgtgtcc attattggaa 1215

tggaattatc actactgtat catgagtggg tatttttgatt ctatgggtcc ctcagtatta 1275

catcttgact tgtaatcaat tatgaatatt tcttgatatt taatgtatag gacatttatt 1335

tatactcaat aaatattttt caaaagg 1362

<210> 63

<211> 622

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro

1

5

10

15

Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro Gln Ser His Tyr Asn His Gly
20 25 30

Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr
35 40 45

Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg
50 55 60

Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn
65 70 75 80

Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val
85 90 95

Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp
100 105 110

Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Thr Arg Gln Gly His Leu Ser
115 120 125

Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp
130 135 140

Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Thr
145 150 155 160

Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys Gly Gln Asp Val Asp Met Met
165 170 175

Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His

180

185

190

Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu Thr Phe Asn Val Ser Val Asn

195

200

205

Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr Ala Leu His Trp Ala Val Leu

210

215

220

Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn

225

230

235

240

Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys

245

250

255

Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn His Leu Gln Glu Ala Arg Gln

260

265

270

Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp

275

280

285

Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile

290

295

300

Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile

305

310

315

320

Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser

	325		330		335
Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile					
	340		345		350
Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe					
	355		360		365
Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile His Leu Pro Phe Leu Ala Asn					
	370		375		380
Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro					
	385		390		400
Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu					
	405		410		415
Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys					
	420		425		430
Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys His Cys Gly Val Cys Asn Arg					
	435		440		445
Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys Pro Trp Val Gly Asn Cys Val					
	450		455		460
Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu					
	465		470		480

Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu
485 490 495

His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr
500 505 510

Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser
515 520 525

Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr
530 535 540

Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg
545 550 555 560

Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe
565 570 575

Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys
580 585 590

Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr
595 600 605

Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser Gly Tyr Gln Leu Val
610 615 620

<210> 64

<211> 2948

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (14)..(1879)

<400> 64

atttaacacc aag atg gcg gac ggc ccg gat gag tac gat acc gaa gcg 49

Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp Thr Glu Ala

1 5 10

ggc tgt gtg ccc ctt ctc cac cca gag gaa atc aaa ccc caa agc cat 97

Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro Gln Ser His

15 20 25

tat aac cat gga tat ggt gaa cct ctt gga cgg aaa act cat att gat 145

Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr His Ile Asp

30 35 40

gat tac agc aca tgg gac ata gtc aag gct aca caa tat gga ata tat 193

Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr

45 50 55 60

gaa cgc tgt cga gaa ttg gtg gaa gca ggt tat gat gta cgg caa ccg 241

Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro

65 70 75

gac aaa gaa aat gtt acc ctc ctc cat tgg gct gcc atc aat aac aga 289

Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg

80

85

90

ata gat tta gtc aaa tac tat att tcg aaa ggt gct att gtg gat caa 337

Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile Val Asp Gln

95

100

105

ctt gga ggg gac ctg aat tca act cca ttg cac tgg gcc aca aga caa 385

Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Thr Arg Gln

110

115

120

ggc cat cta tcc atg gtt gtg caa cta atg aaa tat ggt gca gat cct 433

Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly Ala Asp Pro

125

130

135

140

tca tta att gat gga gaa gga tgt agc tgt att cat ctg gct gct cag 481

Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu Ala Ala Gln

145

150

155

ttc gga cat acc tca att gtt gct tat ctc ata gca aaa gga cag gat 529

Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys Gly Gln Asp

160

165

170

gta gat atg atg gat cag aat gga atg acg cct tta atg tgg gca gca 577

Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met Trp Ala Ala

175

180

185

tat aga aca cat agt gtg gat cca act aga ttg ctt tta aca ttc aat 625

Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu Thr Phe Asn

190

195

200

gtt tca gtt aac ctt ggt gac aag tat cac aaa aac act gct ctg cat 673

Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr Ala Leu His

205

210

215

220

tgg gca gtg cta gca ggg aat acc aca gtc att agc ctt ctt ctg gaa 721

Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu Leu Leu Glu

225

230

235

gct gga gct aat gtt gat gcc cag aat atc aag ggc gaa tca gcg ctt 769

Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu Ser Ala Leu

240

245

250

gat ttg gca aaa cag aga aaa aat gtg tgg atg atc aac cac tta caa 817

Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn His Leu Gln

255

260

265

gag gca agg caa gca aaa gga tat gac aat ccg tcc ttc ctt aga aag 865

Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe Leu Arg Lys

270

275

280

ctg aaa gct gat aag gaa ttt cgg cag aaa gta atg tta gga act cct 913

Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu Gly Thr Pro

285

290

295

300

ttc cta gtt att tgg ctg gtt ggg ttt ata gca gac cta aat att gat 961

Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu Asn Ile Asp

305

310

315

tct tgg ctc att aaa ggg cta atg tat ggt ggt gtt tgg gct aca gta 1009

Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp Ala Thr Val

320

325

330

cag ttt ctt tca aaa tcc ttt ttc gat cat tca atg cat agt gca ttg 1057

Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His Ser Ala Leu

335

340

345

ccc ctt ggg ata tat ttg gca acc aaa ttc tgg atg tat gtg acg tgg 1105

Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr Val Thr Trp

350

355

360

ttc ttc tgg ttt tgg aat gat ctc aac ttt tta ttt atc cat ctt cca 1153

Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile His Leu Pro

365

370

375

380

ttc ctt gcc aat agt gtt gca ctt ttc tac aat ttt gga aaa tct tgg 1201

Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly Lys Ser Trp

385

390

395

aaa tca gat cca ggg att att aaa gca aca gaa gag caa aag aaa aag 1249

Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln Lys Lys Lys

400

405

410

aca ata gtt gaa ctt gca gag aca gga agt ctg gac ctc agt ata ttc 1297

Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu Ser Ile Phe

415

420

425

tgc agt acc tgt ttg ata cga aaa ccg gtg agg tcc aaa cat tgt ggt 1345
Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys His Cys Gly
430 435 440

gtg tgc aac cgc tgt ata gca aaa ttt gat cat cat tgc cca tgg gtg 1393
Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys Pro Trp Val
445 450 455 460

ggt aac tgt gta ggt gca ggc aac cat aga tat ttt atg ggc tac cta 1441
Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met Gly Tyr Leu
465 470 475

ttc ttc ttg ctt ttt atg atc tgc tgg atg att tat ggt tgt ata tct 1489
Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly Cys Ile Ser
480 485 490

tac tgg gga ctc cac tgt gag acc act tac acc aag gat gga ttt tgg 1537
Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp Gly Phe Trp
495 500 505

aca tac att act cag att gcc acg tgt tca cct tgg atg ttt tgg atg 1585
Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met Phe Trp Met
510 515 520

ttc ctg aac agt gtt ttc cac ttc atg tgg gtg gct gta tta ctc atg 1633
Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val Leu Leu Met
525 530 535 540

tgt cag atg tac cag ata tca tgt tta ggt att act aca aat gaa aga 1681

Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr Asn Glu Arg
545 550 555

atg aat gcc agg aga tac aag cac ttt aaa gtc aca aca acg tct att 1729
Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr Thr Ser Ile
560 565 570

gaa agc cca ttc aac cat gga tgt gta aga aat att ata gac ttc ttt 1777
Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile Asp Phe Phe
575 580 585

gaa ttt cga tgc tgt ggc ctc ttt cgt cct gtt atc gtg gac tgg acc 1825
Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val Asp Trp Thr
590 595 600

agg cag tat aca ata gaa tat gac caa ata tca gga tct ggg tac cag 1873
Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser Gly Tyr Gln
605 610 615 620

ctg gtg tagcgacatc ttatcctatg aagcatattg ctgagtggtg cctgaaaatt 1929
Leu Val

gtgtctgtcc gtgtctttct cacactcgaa tccacatcct ttgaacaaga gcatgctatg 1989

tgtagggcta atggtgaatt ttacagtctt tttttcaaca cttttattaa caaaagtaaa 2049

catggacaga acacactgcc atttctggga agagtaaaga tgataaaaaa taattttaat 2109

ggttcttaat gtggaaattc acaacatact caacttttgg gttttgttct cacagtattt 2169

ttcacaaaaa aagggtaaac ttattctatt gacagacatg gtgtactgat cagaaatggt 2229

cagttttaac taaaactaaa tttatgttat ttggctaaat gttatgatgc agtctagtac 2289

gagtattgca tctaattcca ggagcattgt ttttaagttga ttgactagtt attatgtaca 2349

tttcagaatg tacacataaa tactgtgatg aaaatcatgt gattgggatc tactgtgatg 2409

ttgtcttcaa aggcaggaga aaataatggt cacaataaaa tgtgctaaca atgttttggt 2469

tctatcagct gttgcaatgc tgatatattt ctagttcagt gaaataattt gtagtaacct 2529

tactctgagg ttttacggtc tgataatgaa gcacttgcac gagtatagta agtcatgttt 2589

ttttgttcaa atttaaaagc cctgctaatt gcatgacaca ccacatagaa tgtatactag 2649

cagatactat ccagtgaagc ataaattaga atttaatttg atgttcaaaa acagttccat 2709

ttttaagggt taagggtgga ttttcaagaa aaggcagaac aaataatgca aaattctcag 2769

taatagtgat acatggatat acttcctttt aaattctcag ctgcaaaata attgtagaca 2829

aaataatggc atttaactaa agatggagca tgatctgtgt acatagcaca tgtgaataaa 2889

agaaaagctg acagtatatt ctggtttcaa taaaatgacc tatcagaaag tagaatttc 2948

<210> 65

<211> 632

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 65

Met Gln Arg Glu Glu Gly Phe Asn Thr Lys Met Ala Asp Gly Pro Asp

1

5

10

15

Glu Tyr Asp Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu

20

25

30

Ile Lys Pro Gln Ser His Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly

35

40

45

Arg Lys Thr His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala

50

55

60

Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly

65

70

75

80

Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp

85

90

95

Ala Ala Ile Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys

100

105

110

Gly Ala Ile Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu

115

120

125

His Trp Ala Thr Arg Gln Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met

130

135

140

Lys Tyr Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys

145

150

155

160

Ile His Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu

165

170

175

Ile Ala Lys Gly Gln Asp Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr

180

185

190

Pro Leu Met Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg

195

200

205

Leu Leu Leu Thr Phe Asn Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His

210

215

220

Lys Asn Thr Ala Leu His Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val

225

230

235

240

Ile Ser Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile

245

250

255

Lys Gly Glu Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp

260

265

270

Met Ile Asn His Leu Gln Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn

275

280

285

Pro Ser Phe Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys
290 295 300

Val Met Leu Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile
305 310 315 320

Ala Asp Leu Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly
325 330 335

Gly Val Trp Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His
340 345 350

Ser Met His Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe
355 360 365

Trp Met Tyr Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe
370 375 380

Leu Phe Ile His Leu Pro Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr
385 390 395 400

Asn Phe Gly Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr
405 410 415

Glu Glu Gln Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser
420 425 430

Leu Asp Leu Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val
435 440 445

Arg Ser Lys His Cys Gly Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp
450 455 460

His His Cys Pro Trp Val Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg
465 470 475 480

Tyr Phe Met Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met
485 490 495

Ile Tyr Gly Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr
500 505 510

Thr Lys Asp Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser
515 520 525

Pro Trp Met Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp
530 535 540

Val Ala Val Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly
545 550 555 560

Ile Thr Thr Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys
565 570 575

Val Thr Thr Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg
580 585 590

Asn Ile Ile Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro

595

600

605

Val Ile Val Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile

610

615

620

Ser Gly Ser Gly Tyr Gln Leu Val

625

630

<210> 66

<211> 4715

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (108)..(2003)

<400> 66

gaagaaggag gaggaggccc gcgtcgccctc cggcggggct cgcgctcgcc ccgcgctcgc 60

cctccgcctc gcccgagccc cgggaggggtg aaacgctttc tcccagc atg cag cgg 116

Met Gln Arg

1

gag gag gga ttt aac acc aag atg gcg gac ggc ccg gat gag tac gat 164

Glu Glu Gly Phe Asn Thr Lys Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp

5

10

15

acc gaa gcg ggc tgt gtg ccc ctt ctc cac cca gag gaa atc aaa ccc 212

Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro
20 25 30 35

caa agc cat tat aac cat gga tat ggt gaa cct ctt gga cgg aaa act 260
Gln Ser His Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr
40 45 50

cat att gat gat tac agc aca tgg gac ata gtc aag gct aca caa tat 308
His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr
55 60 65

gga ata tat gaa cgc tgt cga gaa ttg gtg gaa gca ggt tat gat gta 356
Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val
70 75 80

cgg caa ccg gac aaa gaa aat gtt acc ctc ctc cat tgg gct gcc atc 404
Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile
85 90 95

aat aac aga ata gat tta gtc aaa tac tat att tcg aaa ggt gct att 452
Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile
100 105 110 115

gtg gat caa ctt gga ggg gac ctg aat tca act cca ttg cac tgg gcc 500
Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala
120 125 130

aca aga caa ggc cat cta tcc atg gtt gtg caa cta atg aaa tat ggt 548
Thr Arg Gln Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly

135

140

145

gca gat cct tca tta att gat gga gaa gga tgt agc tgt att cat ctg 596

Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu

150

155

160

gct gct cag ttc gga cat acc tca att gtt gct tat ctc ata gca aaa 644

Ala Ala Gln Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys

165

170

175

gga cag gat gta gat atg atg gat cag aat gga atg acg cct tta atg 692

Gly Gln Asp Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met

180

185

190

195

tgg gca gca tat aga aca cat agt gtg gat cca act aga ttg ctt tta 740

Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu

200

205

210

aca ttc aat gtt tca gtt aac ctt ggt gac aag tat cac aaa aac act 788

Thr Phe Asn Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr

215

220

225

gct ctg cat tgg gca gtg cta gca ggg aat acc aca gtc att agc ctt 836

Ala Leu His Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu

230

235

240

ctt ctg gaa gct gga gct aat gtt gat gcc cag aat atc aag ggc gaa 884

Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu

245

250

255

tca gcg ctt gat ttg gca aaa cag aga aaa aat gtg tgg atg atc aac 932

Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn

260

265

270

275

cac tta caa gag gca agg caa gca aaa gga tat gac aat ccg tcc ttc 980

His Leu Gln Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe

280

285

290

ctt aga aag ctg aaa gct gat aag gaa ttt cgg cag aaa gta atg tta 1028

Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu

295

300

305

gga act cct ttc cta gtt att tgg ctg gtt ggg ttt ata gca gac cta 1076

Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu

310

315

320

aat att gat tct tgg ctc att aaa ggg cta atg tat ggt ggt gtt tgg 1124

Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp

325

330

335

gct aca gta cag ttt ctt tca aaa tcc ttt ttc gat cat tca atg cat 1172

Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His

340

345

350

355

agt gca ttg ccc ctt ggg ata tat ttg gca acc aaa ttc tgg atg tat 1220

Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr

360

365

370

gtg acg tgg ttc ttc tgg ttt tgg aat gat ctc aac ttt tta ttt atc 1268

Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile

375

380

385

cat ctt cca ttc ctt gcc aat agt gtt gca ctt ttc tac aat ttt gga 1316

His Leu Pro Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly

390

395

400

aaa tct tgg aaa tca gat cca ggg att att aaa gca aca gaa gag caa 1364

Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln

405

410

415

aag aaa aag aca ata gtt gaa ctt gca gag aca gga agt ctg gac ctc 1412

Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu

420

425

430

435

agt ata ttc tgc agt acc tgt ttg ata cga aaa ccg gtg agg tcc aaa 1460

Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys

440

445

450

cat tgt ggt gtg tgc aac cgc tgt ata gca aaa ttt gat cat cat tgc 1508

His Cys Gly Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys

455

460

465

cca tgg gtg ggt aac tgt gta ggt gca ggc aac cat aga tat ttt atg 1556

Pro Trp Val Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met

470

475

480

ggc tac cta ttc ttc ttg ctt ttt atg atc tgc tgg atg att tat ggt 1604

Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly
485 490 495

tgt ata tct tac tgg gga ctc cac tgt gag acc act tac acc aag gat 1652
Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp
500 505 510 515

gga ttt tgg aca tac att act cag att gcc acg tgt tca cct tgg atg 1700
Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met
520 525 530

ttt tgg atg ttc ctg aac agt gtt ttc cac ttc atg tgg gtg gct gta 1748
Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val
535 540 545

tta ctc atg tgt cag atg tac cag ata tca tgt tta ggt att act aca 1796
Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr
550 555 560

aat gaa aga atg aat gcc agg aga tac aag cac ttt aaa gtc aca aca 1844
Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr
565 570 575

acg tct att gaa agc cca ttc aac cat gga tgt gta aga aat att ata 1892
Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile
580 585 590 595

gac ttc ttt gaa ttt cga tgc tgt ggc ctc ttt cgt cct gtt atc gtg 1940
Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val

600

605

610

gac tgg acc agg cag tat aca ata gaa tat gac caa ata tca gga tct 1988

Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser

615

620

625

ggg tac cag ctg gtg tagcgacatc ttatcctatg aagcatattg ctgagtgggtg 2043

Gly Tyr Gln Leu Val

630

cctgaaaatt gtgtctgtcc gtgtctttct cacactcgaa tccacatcct ttgaacaaga 2103

gcatgctatg tgtagggcta atgggtgaatt ttacagtctt tttttcaaca cttttattaa 2163

caaaagtaaa catggacaga acacactgcc atttctggga agagtaaaga tgataaaaaa 2223

taattttaat ggttcttaat gtggaaattc acaacatact caacttttgg gttttgttct 2283

cacagtattt ttcacaaaaa aagggtaaac ttattctatt gacagacatg gtgtactgat 2343

cagaaatggt cagttttaac taaaactaaa tttatgttat ttggctaaat gttatgatgc 2403

agtctagtac gagtattgca tctaattcca ggagcattgt ttttaagttga ttgactagtt 2463

attatgtaca tttcagaatg tacacataaa tactgtgatg aaaatcatgt gattgggatc 2523

tactgtgatg ttgtcttcaa aggcaggaga aaataatggt cacaataaaa tgtgctaaca 2583

atgttttggt tctatcagct gttgcaatgc tgatatatct ctagttcagt gaaataatct 2643

gtagtaacct tactctgagg ttttacggtc tgataatgaa gcacttgcat gagtatagta 2703

agtcattgttt ttttgttcaa atttaaaagc cctgctaatt gcatgacaca ccacatagaa 2763

tgtatactag cagatactat ccagtgaagc ataaattaga atttaatttg atgttcaaaa 2823

acagttccat ttttaagggt taagggtgta ttttcaagaa aaggcagaac aaataatgca 2883

aaattctcag taatagtgat acatggatat acttcctttt aaattctcag ctgcaaaaata 2943

attgtagaca aaataatggc atttaactaa agatggagca tgatctaagt acatagcaca 3003

tgtgaataaa agaaaagctg acagtatatt ctggtttcaa taaaatgacc tatcagaaag 3063

tagaatttca tccccaagag tatttcagtt tatccaatat tgagtaagtt ctgaaacagt 3123

tttagaaaaa attttctttt tgttaaattg gatgcactga tcaatttttg tcacagcatt 3183

ttcatacctt catggtggac tactagtcac tgcttccata aatattgttt acagggtgag 3243

atttggttta ttcatcttaa gtgctgtagc aaactgtggt tcgagcaacc tgtgggaaat 3303

ctgtgagagg gaatggggtg ggagatgtgg gggaatggtg gtcagactga tgacagatcc 3363

tagaccaatg taaagaatgt gtatctgtat ataaataatt tatcaaatag ttttctcttt 3423

gtgtctgtgt tagtgttttt aaagctgctc atttcatttt gtccaaccaa aaagaaaagg 3483

gagataacta atgagcttct agtgatgttc aaaattgctg ttaataggca ttataccctg 3543

caagttcact gcatgtctga tgcttggtaa aactagtctt ccctgtaaaa tgcagattac 3603

aggtattaaa gcaatctagt ggtatacccg ccccttgcct tagtaagagg agcagtgaaa 3663

tgtatatagt tgatgttcag tatttccaag taccattttt atatagtagc ttatttgacc 3723

ataagtcaca catcaaaaaa agattaccct tagtgatatgt gttttaatai tagaaaattg 3783

gcatatgtac tttatttttg aaaagggaag agatgggtgt ggggtggcaa tagcattgtg 3843

ccattttgtc atagaatgta aaaattgggtt aactttacaa atgtcagcta gttttgacta 3903

ctaattgggg gaaatttttag ataattttta aattcaaagt tattttataaa atgctagaat 3963

ttgttttaat tttttgtatt ttgagccact tcacatgaag actcagttgc atttttatcg 4023

aatacatttt tatcaacagt taaagactat ggtgggtttt tcagagtttg gctaagaatg 4083

ttgttaccat cttctttggt tgtggtacaa tattttcagt gcaaaagaga tgtcattcag 4143

ttaaaaagac aaacctctag atgtgtaatt acatggaaaa tactagcaat gtgaatgctt 4203

ttgtagtaac catcttgtag tacctgtgaa atctataact cagaaatggt cagatgggtca 4263

ggagccagct atgcagcagt ataccatctg tttaattatt ttgtaggtcc tgtgtgtgga 4323

accaactata aaccagttc taaagttgtg tatgatgggtg aacctttggg aatagttctt 4383

atcaacttaa ttggatactt ttagcaaata ggaacttaat tctcagcact gaacatgaat 4443

tacttccttg gagttttttt tcattcatat ttttggtgtt tccaggaatt tatttgatat 4503

taatgggcgt aaaacagcat cattgtactt aagctatgga tgtttttatt ttatatatttc 4563

tttatttata actgtgccaa gtattatttt gctacttacc gtgttattct gtggaaagaa 4623

aaacctgtaa agtgtttaat aaattagccc tccttacata aattaaatgt caaaattttg 4683

taaaatatta atcagaataa atactgactc tt 4715

<210> 67

<211> 498

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 67

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro His Ser Pro Gln Asn Leu

1 5 10 15

Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His Ala Val Val Leu Ser Trp

20 25 30

Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile Leu Tyr Tyr Ile Val Glu

35 40 45

Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val His Leu Ser Asn Val Gly

50

55

60

Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly Leu Thr Pro Ala Arg Thr

65

70

75

80

Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu Val Gly Arg Gly Gln Tyr

85

90

95

Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro Glu Glu Pro Pro Ser Ala

100

105

110

Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg Thr Asn Gln Ser Ile Met

115

120

125

Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu His Asn Gly Val Leu Arg

130

135

140

Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly Leu Pro Gly Glu Tyr Gln

145

150

155

160

Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn Tyr Cys Leu Val Thr Asp

165

170

175

Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln Val Ala Ala Tyr Asn Gly

180

185

190

Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val Thr Glu Tyr Thr Leu Gln

195

200

205

Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val Gln Thr Glu Ala Val Asn
210 215 220

Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro Pro Pro Gln Gln Phe Ile
225 230 235 240

Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu Ala Trp Pro Ala Asp Ala
245 250 255

Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala Pro Asp Phe His Gly Val
260 265 270

His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys Phe Thr Ala Tyr Phe Thr
275 280 285

Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp Gly Pro Pro Ser Thr Pro
290 295 300

Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro Gly Ala Val Gly His Leu
305 310 315 320

Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Lys Val Ser Trp Gln Glu
325 330 335

Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly Tyr Gln Ile Ser Trp Glu
340 345 350

Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr His Thr Leu Asn Ser Thr
355 360 365

Met His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser Ser Leu Thr Thr Tyr Thr
370 375 380

Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Leu Val Thr Ser
385 390 395 400

Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp Leu Pro Gly Ala Pro Ser
405 410 415

Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg Ser Ala Thr Leu Gln Phe
420 425 430

Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile Ser Arg Trp Ile Val Glu
435 440 445

Gly Gln Met Arg Pro Glu Gly Val Gly Leu Pro Ala Glu Val Thr Gln
450 455 460

Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala Asn Leu Gly Ser Leu Trp
465 470 475 480

Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser Gln Lys Leu Trp Glu Phe
485 490 495

Ser Cys

<210> 68

<211> 1902

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (22)..(1515)

<400> 68

gaaggaggga atgactccag g atg gcc cgg ctg gaa gtg att gaa ctg cct 51

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro

1 5 10

cat tca cct cag aac ctc ctg gtc agc cct aat tct tcc cac agc cac 99

His Ser Pro Gln Asn Leu Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His

15 20 25

gcc gtg gtg ctc tct tgg gtc cgg ccc ttt gat gga aac agt cct att 147

Ala Val Val Leu Ser Trp Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile

30 35 40

ctt tat tac atc gtg gag ctg tct gaa aac aac tct cca tgg aag gtg 195

Leu Tyr Tyr Ile Val Glu Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val

45 50 55

cat ctg tca aac gtt ggc cct gag atg aca ggc gtc acc gtg agt ggc 243

His Leu Ser Asn Val Gly Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly

60 65 70

ctg act ccg gct cgt acc tat caa ttc cgg gtg tgc gcg gtg aat gaa 291
 Leu Thr Pro Ala Arg Thr Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu
 75 80 85 90

gtg ggc agg ggc cag tac agt gcc gag aca agc agg ttg atg cta cct 339
 Val Gly Arg Gly Gln Tyr Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro
 95 100 105

gaa gaa cca ccc agt gct ccc ccg aaa aat ata gtg gcc agt ggg cgg 387
 Glu Glu Pro Pro Ser Ala Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg
 110 115 120

act aat cag tcc att atg gtc cag tgg cag cca ccc cca gaa aca gag 435
 Thr Asn Gln Ser Ile Met Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu
 125 130 135

cac aac ggg gtg ttg cgt gga tac atc ctc agg tac cgc ctg gct ggc 483
 His Asn Gly Val Leu Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly
 140 145 150

ctt ccc gga gag tac cag cag cgg aac atc acc agc ccg gag gtg aac 531
 Leu Pro Gly Glu Tyr Gln Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn
 155 160 165 170

tac tgc ctg gtg aca gac ctg atc atc tgg aca cag tat gag ata cag 579
 Tyr Cys Leu Val Thr Asp Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln
 175 180 185

gtg gcg gcg tac aac ggg gcc ggt ctg ggc gtc ttc agc agg gca gtg 627

Val Ala Ala Tyr Asn Gly Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val
190 195 200

acc gag tac acc ttg cag gga gtg ccc acc gcg ccc ccg cag aac gtg 675
Thr Glu Tyr Thr Leu Gln Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val
205 210 215

cag acg gaa gcc gtg aac tcc acc acc att cag ttc ctg tgg aac cct 723
Gln Thr Glu Ala Val Asn Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro
220 225 230

ccg cct cag cag ttt atc aat ggc atc aac cag gga tac aag ctt ctg 771
Pro Pro Gln Gln Phe Ile Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu
235 240 245 250

gca tgg ccg gca gat gcc ccc gag gct gtc act gtg gtc act att gcc 819
Ala Trp Pro Ala Asp Ala Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala
255 260 265

cca gat ttc cac gga gtc cac cat gga cac ata acg aac ctg aag aag 867
Pro Asp Phe His Gly Val His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys
270 275 280

ttt acc gcc tac ttc act tcc gtt ctg tgc ttc acc acc cct ggg gac 915
Phe Thr Ala Tyr Phe Thr Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp
285 290 295

ggg cct ccc agc aca cct cag ctg gtc tgg act cag gaa gac aaa cca 963
Gly Pro Pro Ser Thr Pro Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro

300

305

310

gga gct gtg gga cat ctg agt ttc aca gag atc ttg gac aca tct ctc 1011

Gly Ala Val Gly His Leu Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu

315

320

325

330

aag gtc agc tgg cag gag ccc ctg gag aaa aat ggc atc att act ggc 1059

Lys Val Ser Trp Gln Glu Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly

335

340

345

tat cag atc tct tgg gaa gtg tac ggc agg aac gac tct cgt ctc acg 1107

Tyr Gln Ile Ser Trp Glu Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr

350

355

360

cac acc ctg aac agc acg atg cac gag tac aag atc caa ggc ctc tca 1155

His Thr Leu Asn Ser Thr Met His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser

365

370

375

tct ctc acc acc tac acc atc gac gtg gcc gct gtg act gcc gtg ggc 1203

Ser Leu Thr Thr Tyr Thr Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly

380

385

390

act ggc ctg gtg act tca tcc acc att tct tct gga gtg ccc cca gac 1251

Thr Gly Leu Val Thr Ser Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp

395

400

405

410

ctt cct ggt gcc cca tcc aac ctg gtc att tcc aac atc agc cct cgc 1299

Leu Pro Gly Ala Pro Ser Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg

415

420

425

tcc gcc acc ctt cag ttc cgg cca ggc tat gac ggg aaa acg tcc atc 1347

Ser Ala Thr Leu Gln Phe Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile

430

435

440

tcc agg tgg att gtt gag ggg cag atg aga cct gaa ggt gtt gga tta 1395

Ser Arg Trp Ile Val Glu Gly Gln Met Arg Pro Glu Gly Val Gly Leu

445

450

455

cct gcc gag gtc aca cag cca agc cat gaa gcc gga ttg gag cct gca 1443

Pro Ala Glu Val Thr Gln Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala

460

465

470

aac ctc gga agt ctg tgg ctg ctc agc ctg gtg tat tgg tgt tac agc 1491

Asn Leu Gly Ser Leu Trp Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser

475

480

485

490

cag aaa ctt tgg gaa ttc tct tgt tagttgggta gttttactgt aattttctat 1545

Gln Lys Leu Trp Glu Phe Ser Cys

495

aaagaattca tatcatctgt taatggcgac agtttttggt tcttcctttg aattttttat 1605

attctttctt tctctttttt gtttcttctt ctttgagtat ttgtaatct tactgggagg 1665

gctaaagcgt cttctatcat atcgaattgg gacaatgata gaagacaatc ttgtttttgt 1725

cactctaaag aaattattgt aagattttat catcaggat gacatttaca ccattgatgt 1785

aggcttttta aaaaatatat ccagcctgta ttgggttaag atgattcttt tctgacctg 1845

atttcctagg agttggtttt ttttttttta aagcataaat aaatttaatt gcatcag 1902

<210> 69

<211> 498

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 69

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro His Ser Pro Gln Asn Leu

1

5

10

15

Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His Ala Val Val Leu Ser Trp

20

25

30

Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile Leu Tyr Tyr Ile Val Glu

35

40

45

Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val His Leu Ser Asn Val Gly

50

55

60

Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly Leu Thr Pro Ala Arg Thr

65

70

75

80

Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu Val Gly Arg Gly Gln Tyr

85

90

95

Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro Glu Glu Pro Pro Ser Ala

100	105	110
Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg Thr Asn Gln Ser Ile Met		
115	120	125
Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu His Asn Gly Val Leu Arg		
130	135	140
Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly Leu Pro Gly Glu Tyr Gln		
145	150	155
Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn Tyr Cys Leu Val Thr Asp		
165	170	175
Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln Val Ala Ala Tyr Asn Gly		
180	185	190
Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val Thr Glu Tyr Thr Leu Gln		
195	200	205
Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val Gln Thr Glu Ala Val Asn		
210	215	220
Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro Pro Pro Gln Gln Phe Ile		
225	230	235
Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu Ala Trp Pro Ala Asp Ala		
245	250	255

Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala Pro Asp Phe His Gly Val
260 265 270

His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys Phe Thr Ala Tyr Phe Thr
275 280 285

Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp Gly Pro Pro Ser Thr Pro
290 295 300

Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro Gly Ala Val Gly His Leu
305 310 315 320

Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Lys Val Ser Trp Gln Glu
325 330 335

Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly Tyr Gln Ile Ser Trp Glu
340 345 350

Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr His Thr Leu Asn Ser Thr
355 360 365

Thr His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser Ser Leu Thr Thr Tyr Thr
370 375 380

Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Leu Val Thr Ser
385 390 395 400

Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp Leu Pro Gly Ala Pro Ser
405 410 415

Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg Ser Ala Thr Leu Gln Phe

420

425

430

Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile Ser Arg Trp Ile Val Glu

435

440

445

Gly Gln Met Arg His Gln Gly Val Gly Leu Pro Ala Glu Val Thr Gln

450

455

460

Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala Asn Leu Gly Ser Leu Trp

465

470

475

480

Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser Gln Lys Leu Trp Glu Phe

485

490

495

Ser Cys

<210> 70

<211> 1902

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (22)..(1515)

<400> 70

gaaggaggga atgactccag g atg gcc cgg ctg gaa gtg att gaa ctg cct 51

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro

1 5 10

cat tca cct cag aac ctc ctg gtc agc cct aat tct tcc cac agc cac 99

His Ser Pro Gln Asn Leu Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His

15 20 25

gcc gtg gtg ctc tct tgg gtc cgg ccc ttt gat gga aac agt cct att 147

Ala Val Val Leu Ser Trp Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile

30 35 40

ctt tat tac atc gtg gag ctg tct gaa aac aac tct cca tgg aag gtg 195

Leu Tyr Tyr Ile Val Glu Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val

45 50 55

cat ctg tca aac gtt ggc cct gag atg aca ggc gtc acc gtg agt ggc 243

His Leu Ser Asn Val Gly Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly

60 65 70

ctg act ccg gct cgt acc tat caa ttc cgg gtg tgc gcg gtg aat gaa 291

Leu Thr Pro Ala Arg Thr Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu

75 80 85 90

gtg ggc agg ggc cag tac agt gcc gag aca agc agg ttg atg cta cct 339

Val Gly Arg Gly Gln Tyr Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro

95 100 105

gaa gaa cca ccc agt gct ccc ccg aaa aat ata gtg gcc agt ggg cgg 387

Glu Glu Pro Pro Ser Ala Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg

110

115

120

act aat cag tcc att atg gtc cag tgg cag cca ccc cca gaa aca gag 435

Thr Asn Gln Ser Ile Met Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu

125

130

135

cac aac ggg gtg ttg cgt gga tac atc ctc agg tac cgc ctg gct ggc 483

His Asn Gly Val Leu Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly

140

145

150

ctt ccc gga gag tac cag cag cgg aac atc acc agc ccg gag gtg aac 531

Leu Pro Gly Glu Tyr Gln Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn

155

160

165

170

tac tgc ctg gtg aca gac ctg atc atc tgg aca cag tat gag ata cag 579

Tyr Cys Leu Val Thr Asp Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln

175

180

185

gtg gcg gcg tac aac ggg gcc ggt ctg ggc gtc ttc agc agg gca gtg 627

Val Ala Ala Tyr Asn Gly Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val

190

195

200

acc gag tac acc ttg cag gga gtg ccc acc gcg ccc ccg cag aac gtg 675

Thr Glu Tyr Thr Leu Gln Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val

205

210

215

cag acg gaa gcc gtg aac tcc acc acc att cag ttc ctg tgg aac cct 723

Gln Thr Glu Ala Val Asn Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro

220

225

230

ccg cct cag cag ttt atc aat ggc atc aac cag gga tac aag ctt ctg 771

Pro Pro Gln Gln Phe Ile Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu

235

240

245

250

gca tgg ccg gca gat gcc ccc gag gct gtc act gtg gtc act att gcc 819

Ala Trp Pro Ala Asp Ala Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala

255

260

265

cca gat ttc cac gga gtc cac cat gga cac ata acg aac ctg aag aag 867

Pro Asp Phe His Gly Val His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys

270

275

280

ttt acc gcc tac ttc act tcc gtt ctg tgc ttc acc acc cct ggg gac 915

Phe Thr Ala Tyr Phe Thr Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp

285

290

295

ggg cct ccc agc aca cct cag ctg gtc tgg act cag gaa gac aaa cca 963

Gly Pro Pro Ser Thr Pro Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro

300

305

310

gga gct gtg gga cat ctg agt ttc aca gag atc ttg gac aca tct ctc 1011

Gly Ala Val Gly His Leu Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu

315

320

325

330

aag gtc agc tgg cag gag ccc ctg gag aaa aat ggc atc att act ggc 1059

Lys Val Ser Trp Gln Glu Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly

335

340

345

tat cag atc tct tgg gaa gtg tac ggc agg aac gac tct cgt ctc acg 1107

Tyr Gln Ile Ser Trp Glu Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr

350

355

360

cac acc ctg aac agc acg acg cac gag tac aag atc caa ggc ctc tca 1155

His Thr Leu Asn Ser Thr Thr His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser

365

370

375

tct ctc acc acc tac acc atc gac gtg gcc gct gtg act gcc gtg ggc 1203

Ser Leu Thr Thr Tyr Thr Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly

380

385

390

act ggc ctg gtg act tca tcc acc att tct tct gga gtg ccc cca gac 1251

Thr Gly Leu Val Thr Ser Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp

395

400

405

410

ctt cct ggt gcc cca tcc aac ctg gtc att tcc aac atc agc cct cgc 1299

Leu Pro Gly Ala Pro Ser Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg

415

420

425

tcc gcc acc ctt cag ttc cgg cca ggc tat gac ggg aaa acg tcc atc 1347

Ser Ala Thr Leu Gln Phe Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile

430

435

440

tcc agg tgg att gtt gag ggg cag atg aga cat caa ggt gtt gga tta 1395

Ser Arg Trp Ile Val Glu Gly Gln Met Arg His Gln Gly Val Gly Leu

445

450

455

cct gcc gag gtc aca cag cca agc cat gaa gcc gga ttg gag cct gca 1443
 Pro Ala Glu Val Thr Gln Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala
 460 465 470

aac ctc gga agt ctg tgg ctg ctc agc ctg gtg tat tgg tgt tac agc 1491
 Asn Leu Gly Ser Leu Trp Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser
 475 480 485 490

cag aaa ctt tgg gaa ttc tct tgt tagttggta gttttactgt aattttctat 1545
 Gln Lys Leu Trp Glu Phe Ser Cys
 495

aaagaattca tatcatctgt taatggcgac agtttttggt tcttcctttg aattttttat 1605

attctttcct tctctttttt gtttcttctt ctttgagtat tttgtaatct tactgggagg 1665

gctaaagcgt cttctatcat atcgaattgg gacaatgata gaagacaatc tttgttttgt 1725

cactctaaag aaattattgt aagattttat catcaggtat gacatttaca ccattgatgt 1785

aggcttttta aaaaatatat ccagcctgta ttgggttaag atgattcttt tctgacccctg 1845

atttcctagg agttgggttt ttttttttta aagcataaat aaatttaatt gcatcag 1902

<210> 71

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 71

Met Pro Val Gln Leu Ser Glu His Pro Glu Trp Asn Glu Ser Met His

1

5

10

15

Ser Leu Arg Ile Ser Val Gly Gly Leu Pro Val Leu Ala Ser Met Thr

20

25

30

Lys Ala Ala Asp Pro Arg Phe Arg Pro Arg Trp Lys Val Ile Leu Thr

35

40

45

Phe Phe Val Gly Ala Ala Ile Leu Trp Leu Leu Cys Ser His Arg Pro

50

55

60

Ala Pro Gly Arg Pro Pro Thr His Asn Ala His Asn Trp Arg Leu Gly

65

70

75

80

Gln Ala Pro Ala Asn Trp Tyr Asn Asp Thr Tyr Pro Leu Ser Pro Pro

85

90

95

Gln Arg Thr Pro Ala Gly Ile Arg Tyr Arg Ile Ala Val Ile Ala Asp

100

105

110

Leu Asp Thr Glu Ser Arg Ala Gln Glu Glu Asn Thr Trp Phe Ser Tyr

115

120

125

Leu Lys Lys Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asp Ser Gly Asp Lys Val Ala

130

135

140

Val Glu Trp Asp Lys Asp His Gly Val Leu Glu Ser His Leu Ala Glu

145	150	155	160
Lys Gly Arg Gly Met Glu Leu Ser Asp Leu Ile Val Phe Asn Gly Lys			
	165	170	175
Leu Tyr Ser Val Asp Asp Arg Thr Gly Val Val Tyr Gln Ile Glu Gly			
	180	185	190
Ser Lys Ala Val Pro Trp Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Gly Thr Val			
	195	200	205
Glu Lys Gly Phe Lys Ala Glu Trp Leu Ala Val Arg Glu Ile Val Arg			
	210	215	220
Lys Arg Trp Arg Leu Val Lys Gln Val Ser His Val Gly Val Leu Gly			
225	230	235	240
Gln Trp Ile Gln Arg			
	245		

<210> 72

<211> 1551

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (127)..(861)

<400> 72

ggaagtcggc caccttcctc cgtcccggcc gttagcccag ccaagcccag ccaagcccag 60

ccaagccccc cccatcgccg gcaccggagc cagccccgca gcgggtcccg cctgtctgtc 120

acgctg atg ccc gtg cag ctg tct gag cac ccg gaa tgg aat gag tct 168

Met Pro Val Gln Leu Ser Glu His Pro Glu Trp Asn Glu Ser

1

5

10

atg cac tcc ctc cgg atc agt gtg ggg ggc ctt cct gtg ctg gcg tcc 216

Met His Ser Leu Arg Ile Ser Val Gly Gly Leu Pro Val Leu Ala Ser

15

20

25

30

atg acc aag gcc gcg gac ccc cgc ttc cgc ccc cgc tgg aag gtg atc 264

Met Thr Lys Ala Ala Asp Pro Arg Phe Arg Pro Arg Trp Lys Val Ile

35

40

45

ctg acg ttc ttt gtg ggt gct gcc atc ctc tgg ctg ctc tgc tcc cac 312

Leu Thr Phe Phe Val Gly Ala Ala Ile Leu Trp Leu Leu Cys Ser His

50

55

60

cgc ccg gcc ccc ggc agg ccc ccc acc cac aat gca cac aac tgg agg 360

Arg Pro Ala Pro Gly Arg Pro Pro Thr His Asn Ala His Asn Trp Arg

65

70

75

ctc ggc cag gcg ccc gcc aac tgg tac aat gac acc tac ccc ctg tct 408

Leu Gly Gln Ala Pro Ala Asn Trp Tyr Asn Asp Thr Tyr Pro Leu Ser

80

85

90

ccc cca caa agg aca ccg gct ggg att cgg tat cga atc gca gtt atc 456

Pro Pro Gln Arg Thr Pro Ala Gly Ile Arg Tyr Arg Ile Ala Val Ile

95 100 105 110

gca gac ctg gac aca gag tca agg gcc caa gag gaa aac acc tgg ttc 504

Ala Asp Leu Asp Thr Glu Ser Arg Ala Gln Glu Glu Asn Thr Trp Phe

115 120 125

agt tac ctg aaa aag ggc tac ctg acc ctg tca gac agt ggg gac aag 552

Ser Tyr Leu Lys Lys Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asp Ser Gly Asp Lys

130 135 140

gtg gcc gtg gaa tgg gac aaa gac cat ggg gtc ctg gag tcc cac ctg 600

Val Ala Val Glu Trp Asp Lys Asp His Gly Val Leu Glu Ser His Leu

145 150 155

gcg gag aag ggg aga ggc atg gag cta tcc gac ctg att gtt ttc aat 648

Ala Glu Lys Gly Arg Gly Met Glu Leu Ser Asp Leu Ile Val Phe Asn

160 165 170

ggg aaa ctc tac tcc gtg gat gac cgg acg ggg gtc gtc tac cag atc 696

Gly Lys Leu Tyr Ser Val Asp Asp Arg Thr Gly Val Val Tyr Gln Ile

175 180 185 190

gaa ggc agc aaa gcc gtg ccc tgg gtg att ctg tcc gac ggc gac ggc 744

Glu Gly Ser Lys Ala Val Pro Trp Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Gly

195 200 205

acc gtg gag aaa ggc ttc aag gcc gaa tgg ctg gca gtg cgg gag att 792

Thr Val Glu Lys Gly Phe Lys Ala Glu Trp Leu Ala Val Arg Glu Ile

210

215

220

gta agg aag cgg tgg cgg ctg gtg aag caa gtc tca cat gtc ggc gtt 840

Val Arg Lys Arg Trp Arg Leu Val Lys Gln Val Ser His Val Gly Val

225

230

235

ctt ggc caa tgg ata caa aga taaagaaaat gttgcctttt tctaggaact 891

Leu Gly Gln Trp Ile Gln Arg

240

245

gtcagaaatc ctcatgcctt tcaagacttc tgtgaatgac ttgaattttt tattccctgc 951

ctagggtctg tgaacgaggc ctgtctcttc cctgggggttt ctttccatgg cctttatttc 1011

tcctcttcca gtgggagttt tgcaggctct tctctgtgga aacttcacga gcgttggtg 1071

ggcctcggct tcgctggagt gtactccagg gtgaaggcag agtgggattt gagaccagg 1131

tagtggagga agcgaaggaa gtgaacgctg aatgtgacgc atttctgaag agctcagctg 1191

tcaccgggca tagcctggaa gcccgaagtc tgttctgact ttgcctggct gtctccttga 1251

ccgcctcct agatcattgt ccttgatgtc caggctgggt catttaaaat agagatgcaa 1311

tcaggaaggt tgggggactt gggactgtgg ctgaattgag accttgctga tgtattcatg 1371

tcagcacctg agtcacagcc caggtgcccga gaagcagcct cttcgcatag gcagtgattt 1431

gcgattactt taaagctcac cttttttctt cccctctctg ttcgctgctg tcagcataat 1491

gattgtgttc cttccctatg ggatccatct gttttgtaaa caataaagcg tctgagggag 1551

<210> 73

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 73

Met Glu Ser Gly Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly

1

5

10

15

Thr Thr Ser Val Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys

20

25

30

Ala Arg Val Ser Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly

35

40

45

Glu Asp Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro

50

55

60

Tyr Ala Val Ile Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn

65

70

75

80

Ser Gln Phe Val Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu

85

90

95

Gln Glu His Lys Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp

100	105	110
Cys Ser Lys Ile Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu		
115	120	125
Val Pro His Glu Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro		
130	135	140
Leu Asp Ser Val Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His		
145	150	155
Pro Ser Ile Gln Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly		
165	170	175
Glu Arg Pro Lys Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly		
180	185	190
Ala Thr Leu Thr Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val		
195	200	205
Arg Leu Gln Pro Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln		
210	215	220
Asp Phe Asp Ser Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp		
225	230	235
Lys Val Leu Ala Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe		
245	250	255

Phe Ile Leu Arg Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu
260 265 270

Lys Gln Met Gln Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser
275 280 285

Arg Ala Lys Pro Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val
290 295 300

Cys Leu Ser Ser Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val
305 310 315 320

Cys Ser Cys Thr Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys
325 330 335

Pro Ile Cys Arg Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Pro Tyr Asn Ser
340 345 350

<210> 74

<211> 2401

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(1158)

<400> 74

ttaggccggg ggggtgcggt cctggtcgga aggaggtgga gagtcggggg tcaccaggcc 60

tatccttggc gccacagtcg gccaccgggg ctcgccgccg tc atg gag agc gga 114

Met Glu Ser Gly

1

ggg cgg ccc tcg ctg tgc cag ttc atc ctc ctg ggc acc acc tct gtg 162

Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly Thr Thr Ser Val

5

10

15

20

gtc acc gcc gcc ctg tac tcc gtg tac cgg cag aag gcc cgg gtc tcc 210

Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys Ala Arg Val Ser

25

30

35

caa gag ctc aag gga gct aaa aaa gtt cat ttg ggt gaa gat tta aag 258

Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly Glu Asp Leu Lys

40

45

50

agt att ctt tca gaa gct cca gga aaa tgc gtg cct tat gct gtt ata 306

Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro Tyr Ala Val Ile

55

60

65

gaa gga gct gtg cgg tct gtt aaa gaa acg ctt aac agc cag ttt gtg 354

Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn Ser Gln Phe Val

70

75

80

gaa aac tgc aag ggg gta att cag cgg ctg aca ctt cag gag cac aag 402

Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu Gln Glu His Lys

85

90

95

100

atg gtg tgg aat cga acc acc cac ctt tgg aat gat tgc tca aag atc 450

Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp Cys Ser Lys Ile

105

110

115

att cat cag agg acc aac aca gtg ccc ttt gac ctg gtg ccc cac gag 498

Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu Val Pro His Glu

120

125

130

gat ggc gtg gat gtg gct gtg cga gtg ctg aag ccc ctg gac tca gtg 546

Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro Leu Asp Ser Val

135

140

145

gat ctg ggt cta gag act gtg tat gag aag ttc cac ccc tcg att cag 594

Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His Pro Ser Ile Gln

150

155

160

tcc ttc acc gat gtc atc ggc cac tac atc agc ggt gag cgg ccc aaa 642

Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly Glu Arg Pro Lys

165

170

175

180

ggc atc caa gag acc gag gag atg ctg aag gtg ggg gcc acc ctc aca 690

Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly Ala Thr Leu Thr

185

190

195

ggg gtt ggc gaa ctg gtc ctg gac aac aac tct gtc cgc ctg cag ccg 738

Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val Arg Leu Gln Pro

200

205

210

ccc aaa caa ggc atg cag tac tat cta agc agc cag gac ttc gac agc 786

Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln Asp Phe Asp Ser
215 220 225

ctg ctg cag agg cag gag tcg agc gtc agg ctc tgg aag gtg ctg gcg 834
Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp Lys Val Leu Ala
230 235 240

ctg gtt ttt ggc ttt gcc aca tgt gcc acc ctc ttc ttc att ctc cgg 882
Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe Phe Ile Leu Arg
245 250 255 260

aag cag tat ctg cag cgg cag gag cgc ctg cgc ctc aag cag atg cag 930
Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu Lys Gln Met Gln
265 270 275

gag gag ttc cag gag cat gag gcc cag ctg ctg agc cga gcc aag cct 978
Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser Arg Ala Lys Pro
280 285 290

gag gac agg gag agt ctg aag agc gcc tgt gta gtg tgt ctg agc agc 1026
Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val Cys Leu Ser Ser
295 300 305

ttc aag tcc tgc gtc ttt ctg gag tgt ggg cac gtt tgt tcc tgc acc 1074
Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val Cys Ser Cys Thr
310 315 320

gag tgc tac cgc gcc ttg cca gag ccc aag aag tgc cct atc tgc aga 1122
Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys Pro Ile Cys Arg

325

330

335

340

cag gcg atc acc cgg gtg ata ccc ccg tac aac agc taatagtttg 1168

Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Pro Tyr Asn Ser

345

350

gaagccgcac agcttgacct ggaagcaccc ctgccccctt ttcagggatt tttatctcga 1228

ggcctttgga ggagcagtgg tgggggtagc tgtcacctcc aggtatgatt gagggaggaa 1288

tcgggtagaa actctccaga cccatgcctc caatggcagg atgctgcctt tcccacctga 1348

gaggggaccc tgtccatgtg cagcctcatc agagcctcac cctgggagga tgccgtggcg 1408

tctcctccca ggagccagat cagtgcgagt gtgactgaaa atgcctcatc acttaagcac 1468

caaagccagt gatcagcagc tcttctgttc ctgtgtcttc tgtttttttc tggatgaatcg 1528

ttgcttgctg tggacttggt ggaggactca gaggggagga aaggctgggc cccgagtaca 1588

acggatgcct tgggtgctgc ctccgaagag actctgccgc agcttttctt ctttttcctc 1648

atgccccggg aaacagtctt tcttcagaat tgtcaggctg ggcagggtcaa cttgtgttcc 1708

tttcccctca cctgcttgcc tccttaacgc ctgcacgtgt gtgtagagga caaaagaaag 1768

tgaagtcagc acatccgctt ctgcccagat ggtcggggcc ccgggcaaca gattgaagag 1828

agatcatgtg aagggcagtt ggtcaggcag gcctcctggt ttcgccactg gccctgattt 1888

gaactcctgc cacttgggag agctcggggt ggtccctggt tttccctcct ggagaatgag 1948

gcgcagaggc ctgcctcct gaaggacgca gtgtggatgc cactggccta gtgtcctggc 2008

ctcacagctt ccttgcaagg ctgtcacaag gaaaagcagc cggctggcac cctgagcata 2068

tgccctcttg gggctccctc atccagcccg tcgcagcttt gacatcttgg tgtactcatg 2128

tcgcttctcc ttgtgttacc ccctcccagt attaccattht gccctcacc tgcccttggt 2188

gagcctttta gtgcaagaca gatggggctg ttttcccca cctctgagta gttggaggtc 2248

acatacacag ctcttttttt attgcccttt tctgcctctg aatgttcatc tctcgtcctc 2308

ctttgtgcag gcgaggaagg ggtgccctca ggggccgaca ctagtgtgat gcagtgtcca 2368

gtgtgaacag cagaaattaa acatgttgca acc 2401

<210> 75

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 75

Met Glu Ser Gly Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly

1

5

10

15

Thr Thr Ser Val Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys

20

25

30

Ala Arg Val Ser Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly

35

40

45

Glu Asp Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro

50

55

60

Tyr Ala Val Ile Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn

65

70

75

80

Ser Gln Phe Val Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu

85

90

95

Gln Glu His Lys Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp

100

105

110

Cys Ser Lys Ile Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu

115

120

125

Val Pro His Glu Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro

130

135

140

Leu Asp Ser Val Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His

145

150

155

160

Pro Ser Ile Gln Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly

165

170

175

Glu Arg Pro Lys Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly
180 185 190

Ala Thr Leu Thr Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val
195 200 205

Arg Leu Gln Pro Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln
210 215 220

Asp Phe Asp Ser Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp
225 230 235 240

Lys Val Leu Ala Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe
245 250 255

Phe Ile Leu Arg Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu
260 265 270

Lys Gln Met Gln Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser
275 280 285

Arg Ala Lys Pro Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val
290 295 300

Cys Leu Ser Ser Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val
305 310 315 320

Cys Ser Cys Thr Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys
325 330 335

Pro Ile Cys Arg Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Leu Tyr Asn Ser

340

345

350

<210> 76

<211> 2401

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(1158)

<400> 76

ttaggccggg ggggtgcggt cctggtcgga aggaggtgga gagtcggggg tcaccaggcc 60

tatccttggc gccacagtcg gccaccgggg ctgcccgcgc tc atg gag agc gga 114

Met Glu Ser Gly

1

ggg cgg ccc tcg ctg tgc cag ttc atc ctc ctg ggc acc acc tct gtg 162

Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly Thr Thr Ser Val

5

10

15

20

gtc acc gcc gcc ctg tac tcc gtg tac cgg cag aag gcc cgg gtc tcc 210

Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys Ala Arg Val Ser

25

30

35

caa gag ctc aag gga gct aaa aaa gtt cat ttg ggt gaa gat tta aag 258

Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly Glu Asp Leu Lys
40 45 50

agt att ctt tca gaa gct cca gga aaa tgc gtg cct tat gct gtt ata 306
Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro Tyr Ala Val Ile
55 60 65

gaa gga gct gtg cgg tct gtt aaa gaa acg ctt aac agc cag ttt gtg 354
Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn Ser Gln Phe Val
70 75 80

gaa aac tgc aag ggg gta att cag cgg ctg aca ctt cag gag cac aag 402
Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu Gln Glu His Lys
85 90 95 100

atg gtg tgg aat cga acc acc cac ctt tgg aat gat tgc tca aag atc 450
Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp Cys Ser Lys Ile
105 110 115

att cat cag agg acc aac aca gtg ccc ttt gac ctg gtg ccc cac gag 498
Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu Val Pro His Glu
120 125 130

gat ggc gtg gat gtg gct gtg cga gtg ctg aag ccc ctg gac tca gtg 546
Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro Leu Asp Ser Val
135 140 145

gat ctg ggt cta gag act gtg tat gag aag ttc cac ccc tcg att cag 594
Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His Pro Ser Ile Gln

150

155

160

tcc ttc acc gat gtc atc ggc cac tac atc agc ggt gag cgg ccc aaa 642

Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly Glu Arg Pro Lys

165

170

175

180

ggc atc caa gag acc gag gag atg ctg aag gtg ggg gcc acc ctc aca 690

Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly Ala Thr Leu Thr

185

190

195

ggg gtt ggc gaa ctg gtc ctg gac aac aac tct gtc cgc ctg cag ccg 738

Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val Arg Leu Gln Pro

200

205

210

ccc aaa caa ggc atg cag tac tat cta agc agc cag gac ttc gac agc 786

Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln Asp Phe Asp Ser

215

220

225

ctg ctg cag agg cag gag tcg agc gtc agg ctc tgg aag gtg ctg gcg 834

Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp Lys Val Leu Ala

230

235

240

ctg gtt ttt ggc ttt gcc aca tgt gcc acc ctc ttc ttc att ctc cgg 882

Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe Phe Ile Leu Arg

245

250

255

260

aag cag tat ctg cag cgg cag gag cgc ctg cgc ctc aag cag atg cag 930

Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu Lys Gln Met Gln

265

270

275

gag gag ttc cag gag cat gag gcc cag ctg ctg agc cga gcc aag cct 978

Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser Arg Ala Lys Pro

280

285

290

gag gac agg gag agt ctg aag agc gcc tgt gta gtg tgt ctg agc agc 1026

Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val Cys Leu Ser Ser

295

300

305

ttc aag tcc tgc gtc ttt ctg gag tgt ggg cac gtt tgt tcc tgc acc 1074

Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val Cys Ser Cys Thr

310

315

320

gag tgc tac cgc gcc ttg cca gag ccc aag aag tgc cct atc tgc aga 1122

Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys Pro Ile Cys Arg

325

330

335

340

cag gcg atc acc cgg gtg ata ccc ctg tac aac agc taatagtttg 1168

Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Leu Tyr Asn Ser

345

350

gaagccgcac agcttgacct ggaagcaccc ctgccccctt ttcagggatt tttatctcga 1228

ggccttttga ggagcagtgg tgggggtagc tgtcacctcc aggtatgatt gagggaggaa 1288

tcgggtagaa actctccaga cccatgcctc caatggcagg atgctgcctt tcccacctga 1348

gaggggaccc tgtccatgtg cagcctcatc agagcctcac cctggggagga tgccgtggcg 1408

tctcctccca ggagccagat cagtgcgagt gtgactgaaa atgcctcatc acttaagcac 1468

caaagccagt gatcagcagc tcttctgttc ctgtgtcttc tggtgaatcg 1528

ttgcttgctg tggacttggt ggaggactca gaggggagga aaggctgggc cccgagtaca 1588

acggatgcct tgggtgctgc ctccgaagag actctgccgc agcttttctt ctttttcctc 1648

atgccccggg aaacagtctt tcttcagaat tgtcaggctg ggcagggtcaa cttgtgttcc 1708

tttccctca cctgcttgcc tccttaacgc ctgcacgtgt gtgtagagga caaaagaaag 1768

tgaagtcagc acatccgctt ctgcccagat ggtcggggcc ccgggcaaca gattgaagag 1828

agatcatgtg aagggcagtt ggtcaggcag gcctcctggt ttcgccactg gccctgattt 1888

gaactcctgc cacttgggag agctcgggggt ggtccctggt tttccctcct ggagaatgag 1948

gcgcagagge ctcgcctcct gaaggacgca gtgtggatgc cactggccta gtgtcctggc 2008

ctcacagctt ccttgcaagg ctgtcacaag gaaaagcagc cggctggcac cctgagcata 2068

tgccctcttg gggctccctc atccagcccg tcgcagcttt gacatcttgg tgtactcatg 2128

tcgcttctcc ttgtgttacc ccctcccagt attaccattt gcccctcacc tgcccttggt 2188

gagcctttta gtgcaagaca gatggggctg ttttccccca cctctgagta gttggaggtc 2248

acatacacag ctcttttttt attgcccttt tctgcctctg aatgttcatc tctcgtcctc 2308

ctttgtgcag gcgaggaagg ggtgccctca ggggccgaca ctagtgtgat gcagtgtcca 2368

gtgtgaacag cagaaattaa acatgttgca acc 2401

<210> 77

<211> 697

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 77

Met	Cys	Lys	Ser	Leu	Arg	Tyr	Cys	Phe	Ser	His	Cys	Leu	Tyr	Leu	Ala
1				5					10					15	

Met	Thr	Arg	Leu	Glu	Glu	Val	Asn	Arg	Glu	Val	Asn	Met	His	Ser	Ser
			20					25						30	

Val	Arg	Tyr	Leu	Gly	Tyr	Leu	Ala	Arg	Ile	Asn	Leu	Leu	Val	Ala	Ile
			35					40					45		

Cys	Leu	Gly	Leu	Tyr	Val	Arg	Trp	Glu	Lys	Thr	Ala	Asn	Ser	Leu	Ile
	50						55					60			

Leu	Val	Ile	Phe	Ile	Leu	Gly	Leu	Phe	Val	Leu	Gly	Ile	Ala	Ser	Ile
65					70					75				80	

Leu	Tyr	Tyr	Tyr	Phe	Ser	Met	Glu	Ala	Ala	Ser	Leu	Ser	Leu	Ser	Asn
					85					90				95	

Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp Asn Ser
100 105 110

Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu Leu Leu
115 120 125

Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg Ile Ser
130 135 140

Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu Phe Leu
145 150 155 160

Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val Glu Lys
165 170 175

Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu Ile Ile
180 185 190

Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val Ile Phe
195 200 205

Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn Pro Ile
210 215 220

Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe Leu Asp
225 230 235 240

Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro Phe Leu
245 250 255

Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala Gly Met
260 265 270

Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg Asp Thr
275 280 285

His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly Ile Phe
290 295 300

Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly Phe His
305 310 315 320

Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg Thr Asp
325 330 335

Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg His Phe
340 345 350

Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala Thr Ala
355 360 365

Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe Leu Ser
370 375 380

Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly Leu Phe
385 390 395 400

His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr Ala Ile

405

410

415

Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr Leu Leu

420

425

430

Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly Met Leu

435

440

445

Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr Tyr Gly

450

455

460

Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His Ser Lys

465

470

475

480

Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg His Asp

485

490

495

Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly Glu Trp

500

505

510

Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile Glu Trp

515

520

525

Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile Val Leu

530

535

540

Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys Ile Asn

545

550

555

560

Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr Val Asp
565 570 575

Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys Asp Trp
580 585 590

Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr Glu Lys
595 600 605

Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp Ser Asp
610 615 620

Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His Trp Met
625 630 635 640

Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala Asn Trp
645 650 655

Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe Arg Cys
660 665 670

Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu Asp Thr
675 680 685

Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser
690 695

<210> 78

<211> 3008

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (372)..(2462)

<400> 78

cgtaccgtcg cggatttcgg cggcggaaac atggcggtcg cggccgggccc ggtaacggag 60

aaagtttacg ccgacactgg cctgtattag cgcgtatggc ctcggggccct cgttccccaa 120

ggcgtgccgc ctccctgttc tcagtcgcag gctgaagcct tgtctgctct cctccttttt 180

ggtttggttt tggaactgac tccgagggtt gggagagcgc gttgggtggcg acggccgagt 240

cagatcacta taaacaaaat ttccacaaga gaaaatgttg aaataggagt tgcggataca 300

ttggatatac tggatgaaat acaagcgggtt aatttttgta acgtgaggga aaagcccaca 360

ttgctggtta c atg tgt aaa tca ctg cgt tat tgc ttt agt cat tgt ctc 410

Met Cys Lys Ser Leu Arg Tyr Cys Phe Ser His Cys Leu

1

5

10

tat tta gca atg aca aga ctg gaa gaa gta aat aga gaa gtg aac atg 458

Tyr Leu Ala Met Thr Arg Leu Glu Glu Val Asn Arg Glu Val Asn Met

15

20

25

cat tct tca gtg cgg tat ctt ggc tat tta gcc aga atc aat tta ttg 506

His Ser Ser Val Arg Tyr Leu Gly Tyr Leu Ala Arg Ile Asn Leu Leu
30 35 40 45

gtt gct ata tgc tta ggt cta tac gta aga tgg gaa aaa aca gca aat 554
Val Ala Ile Cys Leu Gly Leu Tyr Val Arg Trp Glu Lys Thr Ala Asn
50 55 60

tcc tta att ttg gta att ttt att ctt ggt ctt ttt gtt ctt gga atc 602
Ser Leu Ile Leu Val Ile Phe Ile Leu Gly Leu Phe Val Leu Gly Ile
65 70 75

gcc agc ata ctc tat tac tat ttt tca atg gaa gca gca agt tta agt 650
Ala Ser Ile Leu Tyr Tyr Tyr Phe Ser Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser
80 85 90

ctc tcc aat ctt tgg ttt gga ttc ttg ctt ggc ctc cta tgt ttt ctt 698
Leu Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu
95 100 105

gat aat tca tcc ttt aaa aat gat gta aaa gaa gaa tca acc aaa tat 746
Asp Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr
110 115 120 125

ttg ctt cta aca tcc ata gtg tta agg ata ttg tgc tct ctg gtg gag 794
Leu Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu
130 135 140

aga att tct ggt tat gtc cgt cat cgg ccc act tta cta acc aca gtt 842
Arg Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val

145

150

155

gaa ttt ctg gag ctt gtt gga ttt gcc att gcc agc aca act atg ttg 890

Glu Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu

160

165

170

gtg gag aag tct ctg agt gtc att ttg ctt gtt gta gct ctg gct atg 938

Val Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met

175

180

185

ctg att att gat ctg aga atg aaa tct ttc tta gct att cca aac tta 986

Leu Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu

190

195

200

205

gtt att ttt gca gtt ttg tta ttt ttt tcc tca ttg gaa act ccc aaa 1034

Val Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys

210

215

220

aat ccg att gct ttt gcg tgt ttt ttt att tgc ctg ata act gat cct 1082

Asn Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro

225

230

235

ttc ctt gac att tat ttt agt gga ctt tca gta act gaa aga tgg aaa 1130

Phe Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys

240

245

250

ccc ttt ttg tac cgt gga aga att tgc aga aga ctt tca gtc gtt ttt 1178

Pro Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe

255

260

265

gct gga atg att gag ctt aca ttt ttt att ctt tcc gca ttc aaa ctt 1226

Ala Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu

270 275 280 285

aga gac act cac ctc tgg tat ttt gta ata cct ggc ttt tcc att ttt 1274

Arg Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe

290 295 300

gga att ttc tgg atg att tgt cat att att ttt ctt tta act ctt tgg 1322

Gly Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp

305 310 315

gga ttc cat acc aaa tta aat gac tgc cat aaa gta tat ttt act cac 1370

Gly Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His

320 325 330

agg aca gat tac aat agc ctt gat aga atc atg gca tcc aaa ggg atg 1418

Arg Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met

335 340 345

cgc cat ttt tgc ttg att tca gag cag ttg gtg ttc ttt agt ctt ctt 1466

Arg His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu

350 355 360 365

gca aca gcg att ttg gga gca gtt tcc tgg cag cca aca aat gga att 1514

Ala Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile

370 375 380

ttc ttg agc atg ttt cta atc gtt ttg cca ttg gaa tcc atg gct cat 1562
Phe Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His
385 390 395

ggg ctc ttc cat gaa ttg ggt aac tgt tta gga gga aca tct gtt gga 1610
Gly Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly
400 405 410

tat gct att gtg att ccc acc aac ttc tgc agt cct gat ggt cag cca 1658
Tyr Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro
415 420 425

aca ctg ctt ccc cca gaa cat gta cag gag tta aat ttg agg tct act 1706
Thr Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr
430 435 440 445

ggc atg ctc aat gct atc caa aga ttt ttt gca tat cat atg att gag 1754
Gly Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu
450 455 460

acc tat gga tgt gac tat tcc aca agt gga ctg tca ttt gat act ctg 1802
Thr Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu
465 470 475

cat tcc aaa cta aaa gct ttc ctc gaa ctt cgg aca gtg gat gga ccc 1850
His Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro
480 485 490

aga cat gat acg tat att ttg tat tac agt ggg cac acc cat ggt aca 1898

Arg His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr
495 500 505

gga gag tgg gct cta gca ggt gga gat aca cta cgc ctt gac aca ctt 1946
Gly Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu
510 515 520 525

ata gaa tgg tgg aga gaa aag aat ggt tcc ttt tgt tcc cgg ctt att 1994
Ile Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile
530 535 540

atc gta tta gac agc gaa aat tca acc cct tgg gtg aaa gaa gtg agg 2042
Ile Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg
545 550 555

aaa att aat gac cag tat att gca gtg caa gga gca gag ttg ata aaa 2090
Lys Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys
560 565 570

aca gta gat att gaa gaa gct gac ccg cca cag cta ggt gac ttt aca 2138
Thr Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr
575 580 585

aaa gac tgg gta gaa tat aac tgc aac tcc agt aat aac atc tgc tgg 2186
Lys Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp
590 595 600 605

act gaa aag gga cgc aca gtg aaa gca gta tat ggt gtg tca aaa cgg 2234
Thr Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg

610

615

620

tgg agt gac tac act ctg cat ttg cca acg gga agc gat gtg gcc aag 2282

Trp Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys

625

630

635

cac tgg atg tta cac ttt cct cgt att aca tat ccc cta gtg cat ttg 2330

His Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu

640

645

650

gca aat tgg tta tgc ggt ctg aac ctt ttt tgg atc tgc aaa act tgt 2378

Ala Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys

655

660

665

ttt agg tgc ttg aaa aga tta aaa atg agt tgg ttt ctt cct act gtg 2426

Phe Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val

670

675

680

685

ctg gac aca gga caa ggc ttc aaa ctt gtc aaa tct taatttgac 2472

Leu Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

690

695

cccaaagcgg gatattaata agcactcata ctaccaatta tcactaactt gccatttttt 2532

gtatgctgta tttttatttg tggaaaatac cttgctactt ctgtagctgc tctcactttg 2592

tcttttctta agtaattatg gtatatataa ggcgttggga aaaaacattt tataatgaaa 2652

gtatgtaggg agtcaaagtc ttactgtaaa tgcataagag acgttaaaaa taacactgca 2712

ctttcaggaa tgtttgctta tggtcctgat tagaaagaaa cagttgtcta tgctctgcaa 2772

tggatcaatga tgaattacta atgccttatt ttctaggcat ataataatag tttagagaat 2832

gtagaccaga taaatttggt tactgtttta agaaaactac cagtttactt acagaagatt 2892

cttttttcca aacagtaggt ttcatccaag accatttgaa gaactgcaaa ctctttctct 2952

tagaaaagaa agagggcagc ctaaaataaa cgcaaaatth gcttatactc catcac 3008

<210> 79

<211> 611

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 79

Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu

1

5

10

15

Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val

20

25

30

Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg

35

40

45

Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg

50

55

60

Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala
65 70 75 80

Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu
85 90 95

Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser
100 105 110

Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe
115 120 125

Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe
130 135 140

Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu
145 150 155 160

Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys
165 170 175

Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe
180 185 190

Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val
195 200 205

Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile
210 215 220

Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys
225 230 235 240

His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg
245 250 255

Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln
260 265 270

Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser
275 280 285

Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu
290 295 300

Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys
305 310 315 320

Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe
325 330 335

Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln
340 345 350

Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe
355 360 365

Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser

370

375

380

Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu

385

390

395

400

Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr

405

410

415

Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp

420

425

430

Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly

435

440

445

Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr

450

455

460

Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val

465

470

475

480

Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro

485

490

495

Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn

500

505

510

Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala

515

520

525

Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro
530 535 540

Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile
545 550 555 560

Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu
565 570 575

Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met
580 585 590

Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu
595 600 605

Val Lys Ser
610

<210> 80

<211> 3007

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (629)..(2461)

<400> 80

cgtaccgtcg cggatttcgg cggcggaaac atggcggtcg cggccgggcc ggtaacggag 60

aaagtttacg ccgacactgg cctgtattag cgcgtatggc ctcgggccct cgttccccaa 120

ggcgtgccgc ctccctgttc tcagtcgcag gctgaagcct tgtctgctct cctccttttt 180

ggtttggttt tggaactgac tccgagggtt gggagagcgc gttggtggcg acggccgagt 240

cagatcacta taaacaaaat ttccacaaga gaaaatgttg aataggagt tgcggataca 300

ttggatatac tggatgaaat acaagcgggtt aatttttgta acgtgaggga aaagcccaca 360

ttgctggtta catgtgtaaa tcactgcgtt attgcttttag tcattgtctc tatttagcaa 420

tgacaagact ggaagaagta aatagagaag tgaacatgca ttcttcagtg cggatatctg 480

ctatttagcc agaatacaatt tattggttgc tatatgctta ggtctatacg taagatggga 540

aaaaacagca aattccttaa ttttggtaat ttttattctt ggtctttttg ttcttggaat 600

cgccagcata ctctattact atttttca atg gaa gca gca agt tta agt ctc 652

Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu

1

5

tcc aat ctt tgg ttt gga ttc ttg ctt ggc ctc cta tgt ttt ctt gat 700

Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp

10

15

20

aat tca tcc ttt aaa aat gat gta aaa gaa gaa tca acc aaa tat ttg 748

Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu

25	30	35	40	
ctt cta aca tcc ata gtg tta agg ata ttg tgc tct ctg gtg gag aga	796			
Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg				
45	50	55		
att tct ggt tat gtc cgt cat cgg ccc act tta cta acc aca gtt gaa	844			
Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu				
60	65	70		
ttt ctg gag ctt gtt gga ttt gcc att gcc agc aca act atg ttg gtg	892			
Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val				
75	80	85		
gag aag tct ctg agt gtc att ttg ctt gtt gta gct ctg gct atg ctg	940			
Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu				
90	95	100		
att att gat ctg aga atg aaa tct ttc tta gct att cca aac tta gtt	988			
Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val				
105	110	115	120	
att ttt gca gtt ttg tta ttt ttt tcc tca ttg gaa act ccc aaa aat	1036			
Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn				
125	130	135		
ccg att gct ttt gcg tgt ttt ttt att tgc ctg ata act gat cct ttc	1084			
Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe				
140	145	150		

ctt gac att tat ttt agt gga ctt tca gta act gaa aga tgg aaa ccc 1132

Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro

155

160

165

ttt ttg tac cgt gga aga att tgc aga aga ctt tca gtc gtt ttt gct 1180

Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala

170

175

180

gga atg att gag ctt aca ttt ttt att ctt tcc gca ttc aaa ctt aga 1228

Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg

185

190

195

200

gac act cac ctc tgg tat ttt gta ata cct ggc ttt tcc att ttt gga 1276

Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly

205

210

215

att ttc tgg atg att tgt cat att att ttt ctt tta act ctt tgg gga 1324

Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly

220

225

230

ttc cat acc aaa tta aat gac tgc cat aaa gta tat ttt act cac agg 1372

Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg

235

240

245

aca gat tac aat agc ctt gat aga atc atg gca tcc aaa ggg atg cgc 1420

Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg

250

255

260

cat ttt tgc ttg att tca gag cag ttg gtg ttc ttt agt ctt ctt gca 1468
His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala
265 270 275 280

aca gcg att ttg gga gca gtt tcc tgg cag cca aca aat gga att ttc 1516
Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe
285 290 295

ttg agc atg ttt cta atc gtt ttg cca ttg gaa tcc atg gct cat ggg 1564
Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly
300 305 310

ctc ttc cat gaa ttg ggt aac tgt tta gga gga aca tct gtt gga tat 1612
Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr
315 320 325

gct att gtg att ccc acc aac ttc tgc agt cct gat ggt cag cca aca 1660
Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr
330 335 340

ctg ctt ccc cca gaa cat gta cag gag tta aat ttg agg tct act ggc 1708
Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly
345 350 355 360

atg ctc aat gct atc caa aga ttt ttt gca tat cat atg att gag acc 1756
Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr
365 370 375

tat gga tgt gac tat tcc aca agt gga ctg tca ttt gat act ctg cat 1804

Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His
380 385 390

tcc aaa cta aaa gct ttc ctc gaa ctt cgg aca gtg gat gga ccc aga 1852
Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg
395 400 405

cat gat acg tat att ttg tat tac agt ggg cac acc cat ggt aca gga 1900
His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly
410 415 420

gag tgg gct cta gca ggt gga gat aca cta cgc ctt gac aca ctt ata 1948
Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile
425 430 435 440

gaa tgg tgg aga gaa aag aat ggt tcc ttt tgt tcc cgg ctt att atc 1996
Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile
445 450 455

gta tta gac agc gaa aat tca acc cct tgg gtg aaa gaa gtg agg aaa 2044
Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys
460 465 470

att aat gac cag tat att gca gtg caa gga gca gag ttg ata aaa aca 2092
Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr
475 480 485

gta gat att gaa gaa gct gac ccg cca cag cta ggt gac ttt aca aaa 2140
Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys

490

495

500

gac tgg gta gaa tat aac tgc aac tcc agt aat aac atc tgc tgg act 2188

Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr

505

510

515

520

gaa aag gga cgc aca gtg aaa gca gta tat ggt gtg tca aaa cgg tgg 2236

Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp

525

530

535

agt gac tac act ctg cat ttg cca acg gga agc gat gtg gcc aag cac 2284

Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His

540

545

550

tgg atg tta cac ttt cct cgt att aca tat ccc cta gtg cat ttg gca 2332

Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala

555

560

565

aat tgg tta tgc ggt ctg aac ctt ttt tgg atc tgc aaa act tgt ttt 2380

Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe

570

575

580

agg tgc ttg aaa aga tta aaa atg agt tgg ttt ctt cct act gtg ctg 2428

Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu

585

590

595

600

gac aca gga caa ggc ttc aaa ctt gtc aaa tct taatttggac cccaaagcgg 2481

Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

605

610

gatattaata agcactcata ctaccaatta tcactaactt gccatTTTTT gtatgctgta 2541

TTTTtatttg tggaaaatac cttgctactt ctgtagctgc tctcactttg tcttttctta 2601

agtaattatg gtatatataa ggcgttggga aaaaacattt tataatgaaa gtatgtaggg 2661

agtcaaatgc ttactgtaaa tgcataagag acgttaaaaa taacactgca ctttcaggaa 2721

tgtttgctta tggtcctgat tagaaagaaa cagttgtcta tgctctgcaa tgggtcaatga 2781

tgaattacta atgccttatt ttctaggcat ataataatag tttagagaat gtagaccaga 2841

taaatttggt tactgtttta agaaaactac cagtttactt acagaagatt cttttttcca 2901

aacagtaggt ttcatccaag accatttgaa gaactgcaaa ctctttctct tagaaaagaa 2961

agagggcagc ctaaaataaa cgcaaaattt gcttatactc catcac 3007

<210> 81

<211> 184

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 81

Met Thr Ser Phe Glu Asp Ala Asp Thr Glu Glu Thr Val Thr Cys Leu

1

5

10

15

Gln Met Thr Val Tyr His Pro Gly Gln Leu Gln Cys Gly Ile Phe Gln

20

25

30

Ser Ile Ser Phe Asn Arg Glu Lys Leu Pro Ser Ser Glu Val Val Lys

35

40

45

Phe Gly Arg Asn Ser Asn Ile Cys His Tyr Thr Phe Gln Asp Lys Gln

50

55

60

Val Ser Arg Val Gln Phe Ser Leu Gln Leu Phe Lys Lys Phe Asn Ser

65

70

75

80

Ser Val Leu Ser Phe Glu Ile Lys Asn Met Ser Lys Lys Thr Asn Leu

85

90

95

Ile Val Asp Ser Arg Glu Leu Gly Tyr Leu Asn Lys Met Asp Leu Pro

100

105

110

Tyr Arg Cys Met Val Arg Phe Gly Glu Tyr Gln Phe Leu Met Glu Lys

115

120

125

Glu Asp Gly Glu Ser Leu Glu Phe Phe Glu Thr Gln Phe Ile Leu Ser

130

135

140

Pro Arg Ser Leu Leu Gln Glu Asn Asn Trp Pro Pro His Arg Pro Ile

145

150

155

160

Pro Glu Tyr Gly Thr Tyr Ser Leu Cys Ser Ser Gln Ser Ser Ser Pro

165

170

175

Thr Glu Met Asp Glu Asn Glu Ser

180

<210> 82

<211> 1617

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (285)..(836)

<400> 82

tttttacaaa ggccccgggc gcgagaggac gtgctctgcc agccagtggg aaggcaggcc 60

gcgcgcgcgg gagcgcggga ggatcggcgg ctgcggtca ctggtccctg gctcggttcc 120

ccgcacccccg gggctcacac ttaccgcgc gcgaggagcag cggccgggtg tccacccccca 180

tcctgcgcc agtctcctcg attcccctcg ctctgagccg ggagagccga acagctgaag 240

agagttcact gactccccag cccaggtgg gccttgtgca catc atg acc agt ttt 296

Met Thr Ser Phe

1

gaa gat gct gac aca gaa gag aca gta act tgt ctc cag atg acg gtt 344

Glu Asp Ala Asp Thr Glu Glu Thr Val Thr Cys Leu Gln Met Thr Val

5

10

15

20

tac cat cct ggc cag ttg cag tgt gga ata ttt cag tca ata agt ttt 392

Tyr His Pro Gly Gln Leu Gln Cys Gly Ile Phe Gln Ser Ile Ser Phe

25 30 35

aac aga gag aaa ctc cct tcc agc gaa gtg gtg aaa ttt ggc cga aat 440

Asn Arg Glu Lys Leu Pro Ser Ser Glu Val Val Lys Phe Gly Arg Asn

40 45 50

tcc aac atc tgt cat tat act ttt cag gac aaa cag gtt tcc cga gtt 488

Ser Asn Ile Cys His Tyr Thr Phe Gln Asp Lys Gln Val Ser Arg Val

55 60 65

cag ttt tct ctg cag ctg ttt aaa aaa ttc aac agc tca gtt ctc tcc 536

Gln Phe Ser Leu Gln Leu Phe Lys Lys Phe Asn Ser Ser Val Leu Ser

70 75 80

ttt gaa ata aaa aat atg agt aaa aag acc aat ctg atc gtg gac agc 584

Phe Glu Ile Lys Asn Met Ser Lys Lys Thr Asn Leu Ile Val Asp Ser

85 90 95 100

aga gag ctg ggc tac cta aat aaa atg gac ctg cca tac agg tgc atg 632

Arg Glu Leu Gly Tyr Leu Asn Lys Met Asp Leu Pro Tyr Arg Cys Met

105 110 115

gtc aga ttc gga gag tat cag ttt ctg atg gag aag gaa gat ggc gag 680

Val Arg Phe Gly Glu Tyr Gln Phe Leu Met Glu Lys Glu Asp Gly Glu

120 125 130

tca ttg gaa ttt ttt gag act caa ttt att tta tct cca aga tca ctc 728

Ser Leu Glu Phe Phe Glu Thr Gln Phe Ile Leu Ser Pro Arg Ser Leu

135

140

145

ttg caa gaa aac aac tgg cca cca cac agg ccc ata ccg gag tat ggc 776

Leu Gln Glu Asn Asn Trp Pro Pro His Arg Pro Ile Pro Glu Tyr Gly

150

155

160

act tat tcg ctc tgc tcc tcc caa agc agt tct ccg aca gaa atg gat 824

Thr Tyr Ser Leu Cys Ser Ser Gln Ser Ser Ser Pro Thr Glu Met Asp

165

170

175

180

gaa aat gag tca tgaacacaga aagtctaaga ggagaaatat gatggatgaa 876

Glu Asn Glu Ser

gagctctgta gatgctgtat agacactaaa taagagtga ttagggtagt atattatagt 936

catctgttat gctgtgaaat ttggaattca gtattatcat tttgaagtct gtaaattgtg 996

ttagtcatta acttagtcac ctgttgatt ctggatctac acaaaattat tttaactgct 1056

cttattaatc tgtgaggatt aatatacaaa aagtatcctt tgagatgaag tcgtgttctc 1116

aaaataaggt tatattatct tctttttctg cttgattttc atcttgtgtt ttgctttgtt 1176

tttgtaagga accatctctt ggtttggtca catcagttca caacagccat ttgttttcaa 1236

ggtcaaggct ccaggcaggt tggtactggt gtttgcagcc tgcagtact tgcagtactg 1296

gaataggttc taggctagtg tctgcgcgtc actgtggttt tagcatggga ggacttattt 1356

gagaaatact accttacttt tctatgattt ctttttacag agttatagtg tgtttactcc 1416

taagatgaca gttctctttg tctatattca gcatctaaga caaatattta aacattttta 1476

agaaccactg tgtaagttt aggattattt acttaccaaa ttagaagttt gacttttatg 1536

tggtatacac aatcttaaaa tttcacgaat tcaccttttt aatagtatcc atgtacataa 1596

taaaatcaaa gtttaattag c 1617

<210> 83

<211> 392

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 83

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50

55

60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys
65 70 75 80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro
85 90 95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu
100 105 110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val
115 120 125

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser
130 135 140

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg
145 150 155 160

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln
165 170 175

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser
180 185 190

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser
195 200 205

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met
210 215 220

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr
225 230 235 240

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser
245 250 255

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu
260 265 270

Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr
275 280 285

Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu
290 295 300

Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly
305 310 315 320

Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala
325 330 335

Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val
340 345 350

Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg
355 360 365

Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro

370

375

380

Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

385

390

<210> 84

<211> 1898

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(1294)

<400> 84

acttccgctg gccgctggct cgctggccgc tcctggaggc ggcggcggga gcgcaggggg 60

cgcgcgggccc ggggactcgc attccccggt tccccctcca cccacgcgg cctggacc 118

atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 166

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 214

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30

cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 262

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac 310

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50

55

60

tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt 358

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65

70

75

80

gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc 406

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85

90

95

cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg 454

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100

105

110

ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg 502

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115

120

125

ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca 550

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130

135

140

ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga 598

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145

150

155

160

gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag 646

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165

170

175

ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc 694

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser

180

185

190

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc 742

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser

195

200

205

ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg 790

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met

210

215

220

ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac 838

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr

225

230

235

240

ctg aca gcc acc ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc 886

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser

245

250

255

agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc 934

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu

260

265

270

ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa cag ggg gcc cta ctg gag gga acc 982
Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr
275 280 285

cgc ttc atg ggg cga cac agt gag ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc 1030
Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu
290 295 300

tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag ctc ttc atc ttt tac acc att ggg 1078
Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly
305 310 315 320

cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc atc atc atg acc ctc cgc cag gcc 1126
Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala
325 330 335

ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt ctc tat ggc cac act gtc act gtg 1174
Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val
340 345 350

gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga 1222
Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg
355 360 365

gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag caa cgg gga aag aag gct gtg cct 1270
Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro
370 375 380

gtt gag tct cct gtg cag aag gtt tgagggtgga aagggcctga ggggtgaagt 1324

Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

385

390

gaaataggac cctcccacca tccccttctg ctgtaacctc tgaggaggct ggctgaaagg 1384

gcaaaatgca ggtgttttct cagtatcaca gaccagctct gcagcagggg attggggagc 1444

ccaggaggca gccttcctt ttgccttaag tcacccatct tccagtaagc agtttattct 1504

gagccccggg ggtagacagt cctcagtgag gggttttggg gagtttgggg tcaagagagc 1564

ataggtaggt tccacagtta ctcttccac aagttccctt aagtcttgcc ctagctgtgc 1624

tctgccacct tccagactca ctcccctctg caaatacctg catttcttac cctggtgaga 1684

aaagcacaag cgggtgtaggc tccaatgctg ctttcccagg aggggtgaaga tgggtgctgtg 1744

ctgaggaaag gggatgcaga gccctgcccga gcaccaccac ctccatgct cctggatccc 1804

taggtctgt tccatgagcc tgttgcaggt tttggtactt tagaaatgta actttttgct 1864

cttataattt tattttatta aattaaatta ctgc 1898

<210> 85

<211> 432

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 85

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser
1 5 10 15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr
20 25 30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser
35 40 45

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn
50 55 60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys
65 70 75 80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro
85 90 95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu
100 105 110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val
115 120 125

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser
130 135 140

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg
145 150 155 160

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln
165 170 175

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser
180 185 190

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser
195 200 205

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met
210 215 220

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr
225 230 235 240

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser
245 250 255

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu
260 265 270

Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp
275 280 285

Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe
290 295 300

Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu

<221> CDS

<222> (119)..(1414)

<400> 86

acttccgctg gccgctggct cgctggccgc tcctggaggc ggcggcggga gcgcaggggg 60

cgcgcgggccc ggggactcgc attccccggt tccccctcca cccacgcgg cctggacc 118

atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 166

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1 5 10 15

cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 214

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20 25 30

cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 262

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35 40 45

ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac 310

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50 55 60

tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt 358

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65 70 75 80

gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc 406

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85 90 95

cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg 454

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100 105 110

ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg 502

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115 120 125

ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca 550

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130 135 140

ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga 598

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145 150 155 160

gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag 646

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165 170 175

ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc 694

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser

180 185 190

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc 742

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser

195

200

205

ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg 790

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met

210

215

220

ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac 838

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr

225

230

235

240

ctg aca gcc acc ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc 886

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser

245

250

255

agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc 934

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu

260

265

270

atc tta ctg gca ggt tat att gct ttt gac agc ttc acc tca aac tgg 982

Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp

275

280

285

cag gat gcc ctg ttt gcc tat aag atg tca tcg gtg cag atg atg ttt 1030

Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe

290

295

300

ggg gtc aat ttc ttc tcc tgc ctc ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa 1078

Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu

305

310

315

320

cag ggg gcc cta ctg gag gga acc cgc ttc atg ggg cga cac agt gag 1126

Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu

325

330

335

ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag 1174

Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln

340

345

350

ctc ttc atc ttt tac acc att ggg cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc 1222

Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr

355

360

365

atc atc atg acc ctc cgc cag gcc ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt 1270

Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu

370

375

380

ctc tat ggc cac act gtc act gtg gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg 1318

Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val

385

390

395

400

gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag 1366

Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys

405

410

415

caa cgg gga aag aag gct gtg cct gtt gag tct cct gtg cag aag gtt 1414

Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

420

425

430

tgagggtgga aagggcctga ggggtgaagt gaaataggac cctcccacca tccccttctg 1474

ctgtaacctc tgaggagct ggctgaaagg gcaaaatgca ggtgttttct cagtatcaca 1534

gaccagctct gcagcagggg attggggagc ccaggaggca gccttccctt ttgccttaag 1594

tcacccatct tccagtaagc agtttattct gagccccggg ggtagacagt cctcagttag 1654

gggttttggg gagtttgggg tcaagagagc ataggtaggt tccacagtta ctcttcccac 1714

aagttccctt aagtcttgcc ctagctgtgc tctgccacct tccagactca ctcccctctg 1774

caaataacctg catttcttac cctgggtgaga aaagcacaag cggtgtaggc tccaatgctg 1834

ctttcccagg aggggtgaaga tgggtgctgtg ctgaggaaag gggatgcaga gccctgccc 1894

gcaccaccac ctccatgct cctggatccc taggctctgt tccatgagcc tgttgcaggt 1954

tttgggtactt tagaaatgta actttttgct cttataattt tattttatta aattaaatta 2014

ctgc

2018

<210> 87

<211> 235

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 87

Met Gly Ile Gly Lys Ser Lys Ile Asn Ser Cys Pro Leu Ser Leu Ser

1 5 10 15

Trp Gly Lys Arg His Ser Val Asp Thr Ser Pro Gly Tyr His Glu Ser

20 25 30

Asp Ser Lys Lys Ser Glu Asp Leu Ser Leu Cys Asn Val Ala Glu His

35 40 45

Ser Asn Thr Thr Glu Gly Pro Thr Gly Lys Gln Glu Gly Ala Gln Ser

50 55 60

Val Glu Glu Met Phe Glu Glu Glu Ala Glu Glu Glu Val Phe Leu Lys

65 70 75 80

Phe Val Ile Leu His Ala Glu Asp Asp Thr Asp Glu Ala Leu Arg Val

85 90 95

Gln Asn Leu Leu Gln Asp Asp Phe Gly Ile Lys Pro Gly Ile Ile Phe

100 105 110

Ala Glu Met Pro Cys Gly Arg Gln His Leu Gln Asn Leu Asp Asp Ala

115 120 125

Val Asn Gly Ser Ala Trp Thr Ile Leu Leu Leu Thr Glu Asn Phe Leu

130 135 140

Arg Asp Thr Trp Cys Asn Phe Gln Phe Tyr Thr Ser Leu Met Asn Ser

145 150 155 160

Val Asn Arg Gln His Lys Tyr Asn Ser Val Ile Pro Met Arg Pro Leu

165

170

175

Asn Asn Pro Leu Pro Arg Glu Arg Thr Pro Phe Ala Leu Gln Thr Ile

180

185

190

Asn Ala Leu Glu Glu Glu Ser Arg Gly Phe Pro Thr Gln Val Glu Arg

195

200

205

Ile Phe Gln Glu Ser Val Tyr Lys Thr Gln Gln Thr Ile Trp Lys Glu

210

215

220

Thr Arg Asn Met Val Gln Arg Gln Phe Ile Ala

225

230

235

<210> 88

<211> 2717

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (111)..(815)

<400> 88

aaaaggaaga cagaaaagcc gcgggctgac tgtggtggcg ctgcctgca gattgaaaag 60

aaatgctgag aaatacataa agttttcctc ttctgccttg gatatttata atg ggt 116

Met Gly

atc ggg aag tct aaa ata aat tcc tgc cct ctt tct ctc tct tgg ggt 164

Ile Gly Lys Ser Lys Ile Asn Ser Cys Pro Leu Ser Leu Ser Trp Gly

5

10

15

aaa agg cac agt gtg gat aca agt cca gga tat cat gag tca gat tcc 212

Lys Arg His Ser Val Asp Thr Ser Pro Gly Tyr His Glu Ser Asp Ser

20

25

30

aag aag tct gaa gat cta tcc ttg tgt aat gtt gct gag cac agc aat 260

Lys Lys Ser Glu Asp Leu Ser Leu Cys Asn Val Ala Glu His Ser Asn

35

40

45

50

aca aca gag ggg cca aca gga aag cag gag gga gct cag agc gtg gaa 308

Thr Thr Glu Gly Pro Thr Gly Lys Gln Glu Gly Ala Gln Ser Val Glu

55

60

65

gag atg ttt gaa gaa gaa gct gaa gaa gag gtg ttc ctc aaa ttt gtg 356

Glu Met Phe Glu Glu Glu Ala Glu Glu Glu Val Phe Leu Lys Phe Val

70

75

80

ata ttg cat gca gaa gat gac aca gat gaa gcc ctc aga gtc cag aat 404

Ile Leu His Ala Glu Asp Asp Thr Asp Glu Ala Leu Arg Val Gln Asn

85

90

95

ctg cta caa gat gac ttt ggt atc aaa ccc gga ata atc ttt gct gag 452

Leu Leu Gln Asp Asp Phe Gly Ile Lys Pro Gly Ile Ile Phe Ala Glu

100

105

110

atg cca tgt ggc aga cag cat tta cag aat tta gat gat gct gta aat 500

Met Pro Cys Gly Arg Gln His Leu Gln Asn Leu Asp Asp Ala Val Asn

115 120 125 130

ggg tct gca tgg aca atc tta tta ctg act gaa aac ttt tta aga gat 548

Gly Ser Ala Trp Thr Ile Leu Leu Leu Thr Glu Asn Phe Leu Arg Asp

135 140 145

act tgg tgt aat ttc cag ttc tat acg tcc cta atg aac tcc gtt aac 596

Thr Trp Cys Asn Phe Gln Phe Tyr Thr Ser Leu Met Asn Ser Val Asn

150 155 160

agg cag cat aaa tac aac tct gtt ata ccc atg cgg ccc ctg aac aat 644

Arg Gln His Lys Tyr Asn Ser Val Ile Pro Met Arg Pro Leu Asn Asn

165 170 175

ccc ctt ccc cga gaa agg act ccc ttt gcc ctc caa acc atc aat gcc 692

Pro Leu Pro Arg Glu Arg Thr Pro Phe Ala Leu Gln Thr Ile Asn Ala

180 185 190

tta gag gaa gaa agt cgt gga ttt cct aca caa gta gaa aga att ttt 740

Leu Glu Glu Glu Ser Arg Gly Phe Pro Thr Gln Val Glu Arg Ile Phe

195 200 205 210

cag gag tct gtg tat aag aca caa caa act ata tgg aaa gag aca aga 788

Gln Glu Ser Val Tyr Lys Thr Gln Gln Thr Ile Trp Lys Glu Thr Arg

215 220 225

aat atg gta caa aga caa ttt att gcc tgagatgaaa catataacat 835

Asn Met Val Gln Arg Gln Phe Ile Ala

230

235

gtggctggct ctgttttgt aaaccaaagc attaatcttc acttgagaaa gcagtttcta 895

ggaaatgttt aaataaaaga gagtcttcac cttaaagaaa cctatggagc acaagaaaga 955

taaatttctg caggacagcc tataaaattg tggtagcttt tgatgtttca gtaaacttga 1015

cattgtcaga gtttcaagga cttttctttc acaattttcc tagttcatgg atatgaaaaa 1075

ggaattctca atccatattc ctgtattga acctgaaca aaaacttgta tgacagacat 1135

ttttaaaaat gtgacaacac ttttattctc tgaattttga tctcaaagga cacagaaaaa 1195

aaatggcccc aggagatctg atcacacttc ctctgaggc acctctcatg gatgttgcaa 1255

taagcattcg ggtactatca cccagaaata tgaattgcca gaatagaaca tttagcatgt 1315

taagcggtga tgcatataaa atcagaaata gatgtgagaa tgggtggaact ttttaaaaga 1375

accagtcaa atgtattttc tgctgaaatc tgcatatttg gaggcatttc ccaccaccga 1435

ttcacagccc atttgatagt gtggtagtta gggacttcgt ggagtgggtg tcagacgtcc 1495

cctggggctt aaatctcttc atattagtca tcatttgtaa ctatggcttt atttgcagag 1555

cttctaaaag gcgtataact gtgtgagtg ccagatatc actttttaga tcaaaaacct 1615

ctcttatgga agctttaaaa gtttccgtca cacacaattc tcttctcagg aagtatttct 1675

catttaggtc ttcaaagtag cctgactgtg tgcattgtgtg tgtgtgatag gttatttata 1735

aagactttgg atagaaggag atgtatttta ttacctccta ttctagagcc ccatgctcct 1795

aacaagccag agaggcccca aacaggattg tttctttcct ccacagccct tctgcccac 1855

tgagattgag ggagcatcgt ccacttgaga tcagggatgg ggtggagaat gggatcatgtc 1915

atgtaatgag aaaagccctc ttcgggatca tgagacttgg ttctagtcca atttctgcca 1975

ctgaggatga atgtaactgt gggcaaacta tttaccctcc tttatctgtg aaatgaaagg 2035

gttgaattga tggatctcta aaggcttttg tcctctatga ggatgtgaaa aactagggac 2095

cacaaaaggg aacaagcaaa aaagtttgga ttcgataaag tgatatgtaa tagttgcaga 2155

aggctttata tatgcttata atgaaaagat attttttgta tattgacagc ataatttatt 2215

tttaatgctg tcattacact taaagtcaca ggaaaaaat atacatgctt actcaggctt 2275

tcttaaaaat aaatttttat agagatcctt gagtaaagac attttgctta atttcttttt 2335

tcttattccc cacttgata tcccctacca gtaccgggat ctgcacacat ctttttgcag 2395

ttacctcttc atagccatga accaaaacgt tctatgagga gcatgcaagt aagtcaagcc 2455

tcctattctg ttagtactta ttagaggagg agatggtttt cattgcatag tgacattttc 2515

ttagccttaa cgttctgata gtagcttact actcacttct ctttttcagt tttcataata 2575

agtattcatt tttttgccat aatgcttcct gtaaagccaa ttttatatac taataaaaca 2635

tgaactgccc actcttcatg cctgccaaac ttggggcaat tgatgctaaa tggatattttt 2695

aaaataaatg tttttattct tt 2717

<210> 89

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 89

Met Ala Ser Pro Ser Arg Arg Leu Gln Thr Lys Pro Val Ile Thr Cys

1 5 10 15

Phe Lys Ser Val Leu Leu Ile Tyr Thr Phe Ile Phe Trp Ile Thr Gly

20 25 30

Val Ile Leu Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Lys Val Ser Leu Glu Asn

35 40 45

Tyr Phe Ser Leu Leu Asn Glu Lys Ala Thr Asn Val Pro Phe Val Leu

50 55 60

Ile Ala Thr Gly Thr Val Ile Ile Leu Leu Gly Thr Phe Gly Cys Phe

65

70

75

80

Ala Thr Cys Arg Ala Ser Ala Trp Met Leu Lys Leu Tyr Ala Met Phe

85

90

95

Leu Thr Leu Val Phe Leu Val Glu Leu Val Ala Ala Ile Val Gly Phe

100

105

110

Val Phe Arg His Glu Ile Lys Asn Ser Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Lys

115

120

125

Ala Leu Lys Gln Tyr Asn Ser Thr Gly Asp Tyr Arg Ser His Ala Val

130

135

140

Asp Lys Ile Gln Asn Thr Leu His Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Arg

145

150

155

160

Asp Trp Thr Asp Thr Asn Tyr Tyr Ser Glu Lys Gly Phe Pro Lys Ser

165

170

175

Cys Cys Lys Leu Glu Asp Cys Thr Pro Gln Arg Asp Ala Asp Lys Val

180

185

190

Asn Asn Glu Gly Cys Phe Ile Lys Val Met Thr Ile Ile Glu Ser Glu

195

200

205

Met Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Phe Gly Val Ala Cys Phe Gln Leu

210

215

220

Ile Gly Ile Phe Leu Ala Tyr Cys Leu Ser Arg Ala Ile Thr Asn Asn
225 230 235 240

Gln Tyr Glu Ile Val
245

<210> 90

<211> 1793

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (60)..(794)

<400> 90

gcgtctcgct ctctgtgttc caatcgcccg gtgcggtggt gcagggtctc gggctagtc 59

atg gcg tcc ccg tct cgg aga ctg cag act aaa cca gtc att act tgt 107

Met Ala Ser Pro Ser Arg Arg Leu Gln Thr Lys Pro Val Ile Thr Cys

1 5 10 15

ttc aag agc gtt ctg cta atc tac act ttt att ttc tgg atc act ggc 155

Phe Lys Ser Val Leu Leu Ile Tyr Thr Phe Ile Phe Trp Ile Thr Gly

20 25 30

gtt atc ctt ctt gca gtt ggc att tgg ggc aag gtg agc ctg gag aat 203

Val Ile Leu Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Lys Val Ser Leu Glu Asn

35 40 45

tac ttt tct ctt tta aat gag aag gcc acc aat gtc ccc ttc gtg ctc 251

Tyr Phe Ser Leu Leu Asn Glu Lys Ala Thr Asn Val Pro Phe Val Leu

50

55

60

att gct act ggt acc gtc att att ctt ttg ggc acc ttt ggt tgt ttt 299

Ile Ala Thr Gly Thr Val Ile Ile Leu Leu Gly Thr Phe Gly Cys Phe

65

70

75

80

gct acc tgc cga gct tct gca tgg atg cta aaa ctg tat gca atg ttt 347

Ala Thr Cys Arg Ala Ser Ala Trp Met Leu Lys Leu Tyr Ala Met Phe

85

90

95

ctg act ctc gtt ttt ttg gtc gaa ctg gtc gct gcc atc gta gga ttt 395

Leu Thr Leu Val Phe Leu Val Glu Leu Val Ala Ala Ile Val Gly Phe

100

105

110

gtt ttc aga cat gag att aag aac agc ttt aag aat aat tat gag aag 443

Val Phe Arg His Glu Ile Lys Asn Ser Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Lys

115

120

125

gct ttg aag cag tat aac tct aca gga gat tat aga agc cat gca gta 491

Ala Leu Lys Gln Tyr Asn Ser Thr Gly Asp Tyr Arg Ser His Ala Val

130

135

140

gac aag atc caa aat acg ttg cat tgt tgt ggt gtc acc gat tat aga 539

Asp Lys Ile Gln Asn Thr Leu His Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Arg

145

150

155

160

gat tgg aca gat act aat tat tac tca gaa aaa gga ttt cct aag agt 587

Asp Trp Thr Asp Thr Asn Tyr Tyr Ser Glu Lys Gly Phe Pro Lys Ser

165

170

175

tgc tgt aaa ctt gaa gat tgt act cca cag aga gat gca gac aaa gta 635

Cys Cys Lys Leu Glu Asp Cys Thr Pro Gln Arg Asp Ala Asp Lys Val

180

185

190

aac aat gaa ggt tgt ttt ata aag gtg atg acc att ata gag tca gaa 683

Asn Asn Glu Gly Cys Phe Ile Lys Val Met Thr Ile Ile Glu Ser Glu

195

200

205

atg gga gtc gtt gca gga att tcc ttt gga gtt gct tgc ttc caa ctg 731

Met Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Phe Gly Val Ala Cys Phe Gln Leu

210

215

220

att gga atc ttt ctc gcc tac tgc ctc tct cgt gcc ata aca aat aac 779

Ile Gly Ile Phe Leu Ala Tyr Cys Leu Ser Arg Ala Ile Thr Asn Asn

225

230

235

240

cag tat gag ata gtg taaccaatg tatctgtggg cctattcctc tctaccttta 834

Gln Tyr Glu Ile Val

245

aggacattta gggteccccc tgtgaattag aaagttgctt ggctggagaa ctgacaacac 894

tacttactga tagaccaaaa aactacacca gtaggttgat tcaatcaaga tgtatgtaga 954

cctaaaacta caccaatagg ctgattcaat caagatccgt gctcgcagtg ggctgattca 1014

atcaagatgt atgtttgcta tgttctaagt ccaccttcta tcccattcat gttagatcgt 1074

tgaaaccctg tatccctctg aaacactgga agagctagta aattgtaaata gaagtaatac 1134

tgtgttcctc ttgactgtta tttttcttag tagggggcct ttggaaggca ctgtgaattt 1194

gctattttga tgtagtgtta caagatggaa aattgattcc tctgactttg ctattgatgt 1254

agtgtgatag aaaattcacc cctctgaact ggctccttcc cagtcaaggt tatctggttt 1314

gattgtataa ttigcaccaa gaagttaaaa tgttttatga ctctctgttc tgctgacagg 1374

cagagagtca cattgtgtta ttttaatttca gtcagtcaat agatggcatc cctcatcagg 1434

gttgccagat ggtgataaca gtgtaaggcc ttgggtctaa ggcatccacg actggaaggg 1494

actactgatg ttctgtgata catcaggttt cagcacacaa cttacatttc tttgcctcca 1554

aattgaggca tttattatga tgttcatact ttccctcttg tttgaaagtt tctaattatt 1614

aaatggtgtc ggaattgttg tattttcctt aggaattcag tggaacttat cttcattaaa 1674

tttagctggt accaggttga tatgacttgt caatattatg gtcaacttta agtccttagtt 1734

ttcgtttgtg cctttgatta ataagtataa ctcttataca ataaatactg ctttcctct 1793

<210> 91

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 91

cttctgctct aaaagctgcg

20

<210> 92

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 92

cgacctgcag ctcgagcaca

20

【 0 1 0 2 】

【配列表フリーテキスト】

配列番号 9 1 及び 9 2 : プライマー

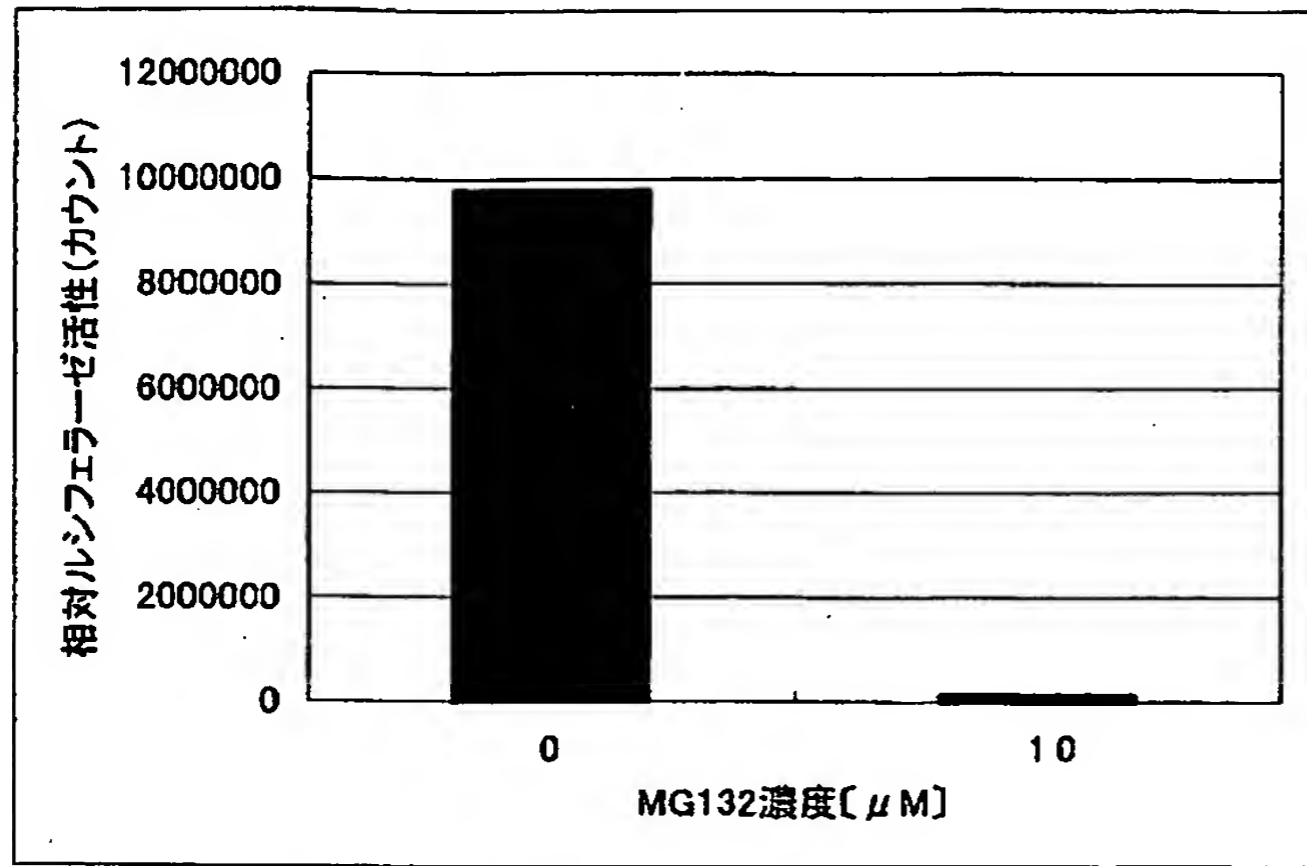
【図面の簡単な説明】

【図 1】

図 1 は、実施例 3 のプロテアソーム阻害剤 MG 1 3 2 による NF- κ B のレポーター活性抑制を示す図である。図中で横軸は、MG 1 3 2 濃度、縦軸は、相対ルシフェラーゼ活性を示す。

【書類名】 図面

【図 1】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 NF- κ Bの過剰な活性化または阻害が関与する疾患の診断、治療または予防等を使用されるNF- κ B作用を有するタンパク質の提供。

【解決手段】 ヒト肺線維芽細胞から作製したcDNAライブラリーから、プラスミドpNF κ B-Lucを用いて、NF- κ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするcDNAをクローニングして、そのDNA配列およびそれより推定されるアミノ酸配列を決定する。同タンパク質、これをコードするDNA、同DNAを含有する組換えベクターおよび同組換えベクターを含有する形質転換体は、NF- κ Bの活性化を阻害または作動する物質のスクリーニングに使用される。

【選択図】 なし

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000000033]

1. 変更年月日 1990年 8月16日
[変更理由] 新規登録
住 所 大阪府大阪市北区堂島浜1丁目2番6号
氏 名 旭化成工業株式会社
2. 変更年月日 2001年 1月 4日
[変更理由] 名称変更
住 所 大阪府大阪市北区堂島浜1丁目2番6号
氏 名 旭化成株式会社